



Europäisches Patentamt  
European Patent Office  
Office européen des brevets



(11)

**EP 1 006 123 A2**

(12)

**DEMANDE DE BREVET EUROPEEN**

(43) Date de publication:  
07.06.2000 Bulletin 2000/23

(51) Int Cl.7: **C07K 14/15, C12N 15/867,**  
**C12N 15/62, A61K 48/00**

(21) Numéro de dépôt: **99400735.9**

(22) Date de dépôt: **25.03.1999**

(84) Etats contractants désignés:  
**AT BE CH CY DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI LU**  
**MC NL PT SE**  
Etats d'extension désignés:  
**AL LT LV MK RO SI**

(30) Priorité: **03.12.1998 FR 9815302**

(71) Demandeur: **UNIVERSITE PIERRE ET MARIE**  
**CURIE PARIS VI**  
**75252 Paris Cédex 05 (FR)**

(72) Inventeurs:  
• **Klatzmann, David**  
**75013, Paris (FR)**

• **Salzmann, Jean-Loup**  
**75005, Paris (FR)**  
• **Noguez, Patricia**  
**91360 Guiberville (FR)**  
• **Cosset, François Loïc**  
**69007, Lyon (FR)**

(74) Mandataire: **Becker, Philippe et al**  
**Ernest Gutmann-Yves Plasseraud S.A.,**  
**3, rue Chauveau-Lagarde**  
**75008 Paris (FR)**

(54) **Protéines d'enveloppe, methodes et utilisations**

(57) La présente invention concerne de protéines et compositions utilisables pour la production de virus, notamment rétrovirus recombinants. Elle concerne également des acides nucléiques, vecteurs et cellules modifiées, ainsi que leurs utilisations. L'invention est plus particulièrement relative à de protéines dérivées du vi-

rus GALV et leurs utilisations.

La présente invention concerne en particulier une protéine d'enveloppe chimérique caractérisée en ce qu'elle comprend au moins une partie du domaine extracellulaire de l'enveloppe du virus GALV ou d'un variant fonctionnel de celui-ci.

**EP 1 006 123 A2**

## Description

[0001] La présente invention concerne de nouvelles protéines et compositions utilisables pour la production de virus, notamment rétrovirus recombinants. Elle concerne également des acides nucléiques, vecteurs et cellules modifiées, ainsi que leurs utilisations. L'invention est plus particulièrement relative à de nouvelles protéines dérivées du virus GALV et leurs utilisations.

[0002] Les rétrovirus recombinants sont utilisés dans de nombreuses applications de la biologie, à la fois sur le plan expérimental, diagnostic, vaccinal et thérapeutique. Ainsi, les rétrovirus sont utilisés comme vecteur pour le transfert d'acides nucléiques dans les cellules, essentiellement les cellules en division, in vitro, ex vivo ou in vivo. In vitro, les rétrovirus permettent ainsi, par exemple, d'insérer de manière stable un acide nucléique d'intérêt dans le génome d'une cellule, de manière à produire une protéine ou un peptide recombinant, à étudier la régulation d'un gène, à étudier des composés antiviraux, etc. In vivo et ex vivo, les rétrovirus ont été utilisés dans des protocoles cliniques de transfert de gènes à visée thérapeutique et/ou vaccinale. Pour revue, voir notamment Human Gene Therapy, Décembre 1997. Les rétrovirus sont également utilisables pour le transfert de gènes chez des mammifères non-humains, par exemple dans des buts thérapeutiques, vaccinaux, ou expérimentaux (modèles de pathologies, étude de biodisponibilité, etc.).

[0003] En raison de leur large spectre d'applications évoqué ci-avant, il est important de pouvoir disposer de méthodes efficaces et présentant un caractère sécuritaire élevé pour produire des rétrovirus recombinants ayant de bonnes capacités de transfert de gènes.

[0004] A cet égard, les vecteurs rétroviraux recombinants utilisés comportent généralement, dans une capsidie rétrovirale, un génome rétroviral déficient. Plus précisément, le génome rétroviral déficient est un vecteur rétroviral recombinant comprenant généralement les séquences cis indispensables à la production et l'encapsidation du génome, c'est-à-dire :

- les séquences "Long Terminal Repeat" (LTR), localisées à chaque extrémité du génome rétroviral. Ces séquences servent notamment d'origine de transcription et de promoteur transcriptionnel. Les séquences LTR se composent plus précisément d'éléments désignés U3, R et U5 ;
- une séquence d'encapsidation (Psi ou  $\psi$ ), impliquée dans l'encapsidation du génome rétroviral dans l'enveloppe protéique. La séquence d'encapsidation peut par ailleurs comporter une région étendue à certains éléments du gène gag, qui ont été décrits comme améliorant l'efficacité d'encapsidation ;
- la région PB, également impliquée dans la réplication virale.

[0005] En général, le génome rétroviral déficient est en revanche déficient pour tout ou partie des gènes viraux gag, pol et/ou env. L'absence de tout ou partie des gènes viraux rend en effet le virus déficient, c'est-à-dire incapable de réplication autonome dans une cellule. Plus préférentiellement, l'ensemble des gènes viraux gag, pol et env sont délétés. Le génome rétroviral déficient comprend par ailleurs, en substitution des séquences virales délétées, tout acide nucléique d'intérêt dont le transfert dans une cellule est recherché.

[0006] Pour la construction de rétrovirus déficients, le génome rétroviral peut provenir de différents types de rétrovirus, tels que des virus écotropes et/ou amphotropes. Il peut s'agir notamment de rétrovirus appartenant à la famille des oncovirus, des lentivirus ou des spumavirus. Dans la famille des oncovirus, on peut citer notamment les oncovirus lents, non porteur d'oncogène, tels que par exemple MoMLV, ALV, BLV, ou MMTV et les oncovirus rapides, tels que RSV par exemple. Dans la famille des lentivirus, on peut citer par exemple HIV, SIV, FIV, BIV ou CAEV. Un type de rétrovirus particulièrement utilisé est le virus de Moloney, notamment murin (MoMLV).

[0007] Pour la production des rétrovirus recombinants, le vecteur rétroviral (génome rétroviral déficient ou toute construction le comprenant) est généralement introduit dans une cellule dite de "packaging", exprimant de manière stable les fonctions de complémentation déficientes du génome recombinant (i.e., gag, pol et/ou env). De telles lignées sont par exemples les lignées PSICRIP (Danos et Mulligan, PNAS 85 (1988) p. 6460), PA317 (Miller et Buttimore, Mol. Cell. Biol. 6 (1986) p. 2895), ou GP + Env AM12 (Markowitz et al. Virology 167 (1988) p. 400). D'autres lignées ont par exemple été décrites dans les publications EP 243 204, WO89/07150, WO90/02806, US5,766,945, EP476,953, WO93/04167 et WO93/10218. En outre, d'autres approches ont été envisagées pour la production de rétrovirus recombinants, reposant sur la cotransfection transitoire de lignées cellulaires avec des virus (ou plasmides) helper et le vecteur rétroviral recombinant (voir par exemple WO94/29438).

[0008] L'une des particularités des rétrovirus réside dans leur sélectivité pour les cellules en division. Ainsi, dans les conditions naturelles, les rétrovirus ne sont pas capables d'infecter efficacement les cellules quiescentes. Par ailleurs, le tropisme des rétrovirus est essentiellement déterminé par la protéine d'enveloppe présente dans la capsidie. Ainsi, il est possible de construire des rétrovirus écotropes (c'est-à-dire dont le tropisme est restreint à l'espèce dont provient l'enveloppe) ou amphotropes (c'est-à-dire dont le tropisme croise les barrières d'espèces). Des enveloppes particu-

lièrement utilisées pour la construction de rétrovirus sont par exemple les enveloppes des virus 4070A, 10A1, VSV, VIH, du virus de la rage, du virus GALV, ou également des enveloppes cellulaires, codant par exemple pour une protéine membranaire permettant le ciblage de la particule virale sur un ligand spécifique, notamment pour un récepteur de type CD4.

5 [0009] L'enveloppe du virus GALV présente un intérêt particulier. En effet, il a été décrit dans la littérature que le virus de la leucémie du gibbon (GALV ; "Gibbon Ape Leukemia Virus"), notamment son enveloppe, avait un tropisme particulièrement important pour les cellules humaines, notamment hématopoïétiques (cellules souches, lymphocytes, dendritiques, etc.). Il a donc été envisagé, dans l'art antérieur, d'utiliser des rétrovirus recombinants pseudotypés avec l'enveloppe GALV, c'est-à-dire des rétrovirus recombinants de type Moloney par exemple, comprenant une enveloppe  
10 GALV, afin d'améliorer les propriétés d'infection des cellules humaines, notamment hématopoïétiques (Bunnet et al., PNAS 92 (1995) 7739). Certains résultats particulièrement encourageants ont été obtenus avec ces rétrovirus.

[0010] Néanmoins, les demandeurs ont maintenant montré que la protéine d'enveloppe GALV telle que décrite dans l'art antérieur, ne pouvait être utilisée efficacement, pour la production de rétrovirus recombinants, que dans certains types limités de cellules de packaging. Ainsi, alors que cette protéine GALV peut être utilisée pour produire des rétro-  
15 virus dans les cellules de fibroblastes murins (NIH 3T3) par exemple, cette même enveloppe ne peut être mise en oeuvre efficacement dans des lignées de packaging établies à partir de cellules humaines, notamment. En particulier, les inventeurs de la présente demande ont mis en évidence que la protéine env du virus GALV tel que décrit par Delassus et al. (Virology 173 (1989) 205) (voir résidus d'acides aminés 1 à 667 tels que représentés sur la figure 3 ou SEQ ID NO:5), exprimée dans différents types cellulaires possédant un récepteur à l'enveloppe GALV, produit un effet  
20 fusogénique important, conduisant à une fusion des cellules en culture, empêchant toute production de rétrovirus recombinants.

[0011] La présente invention apporte à présent une solution à ce problème.

[0012] Ainsi, la présente invention décrit de nouvelles constructions permettant la production d'une enveloppe de type GALV fonctionnelle, non fusogénique dans les cellules. En particulier, la présente invention découle notamment  
25 de la mise en évidence d'une protéine d'enveloppe GALV non fusogénique, et de la construction de molécules chimériques, artificielles, tronquées et/ou étendues ayant des propriétés avantageuses.

[0013] La présente invention découle aussi de la mise en évidence, par les inventeurs, que la fusogénicité de protéines d'enveloppe peut être contrôlée par une région présente dans le domaine C-terminal de la protéine. A cet égard, l'invention décrit aussi de nouvelles protéines d'enveloppe rétrovirales (notamment de type GALV), modifiées (notam-  
30 ment dans la région C-terminale), présentant une activité fusogénique, et leur utilisation pour induire la destruction de cellules, in vitro, ex vivo ou in vivo.

[0014] Ainsi, dans un premier aspect, l'invention réside en particulier dans des constructions chimériques, tronquées et/ou étendues de l'enveloppe GALV, permettant de réduire, voire supprimer les propriétés fusogéniques de cette protéine dans les cellules possédant un récepteur de l'enveloppe GALV. Plus particulièrement, l'invention décrit des  
35 enveloppes chimériques de type GALV, dépourvues de fusogénicité, caractérisées en ce qu'elles comprennent un domaine C-terminal (ou cytoplasmique) hétérologue. L'invention décrit aussi une nouvelle protéine d'enveloppe GALV, caractérisée par un domaine C-terminal particulier, également dépourvue de fusogénicité. L'invention réside également dans des variants de ces enveloppes, les acides nucléiques et vecteurs correspondants, et leurs utilisations, notam-  
40 ment pour la production de particules rétrovirales recombinantes. L'invention est également relative aux cellules modifiées, notamment des cellules de packaging, comprenant les constructions génétiques de l'invention, ainsi qu'à des rétrovirus recombinants et des méthodes pour leur production.

[0015] Selon un autre aspect, la présente invention réside également dans l'utilisation des propriétés fusogéniques de protéines d'enveloppes pour induire la destruction de cellules. Ainsi, l'invention décrit également la construction d'enveloppes (rétrovirales) fusogènes modifiées, notamment dans leur région cytoplasmique. L'invention réside dans  
45 l'utilisation de telles protéines fusogènes comme molécules toxiques pour induire la destruction de cellules in vitro, ex vivo ou in vivo. L'invention décrit en outre un procédé de préparation de protéines d'enveloppes fusogéniques.

[0016] Comme indiqué ci-avant, la présente invention découle donc notamment de la mise en évidence que des constructions génétiques peuvent être préparées permettant la production d'enveloppes de type GALV sans effet fu-  
50 sogénique. Ainsi, les demandeurs ont maintenant mis en évidence la séquence d'une protéine d'enveloppe GALV dépourvue d'activité fusogène. Les séquences de cette protéine et de l'acide nucléique codant correspondant sont représentées sur la Figure 1 (SEQ ID NOS:1 et 2). Ainsi, par rapport à la séquence de la protéine d'enveloppe de GALV telle que décrite dans la littérature (SEQ ID NO:5), il apparaît que cette séquence comprend plusieurs modi-  
55 fications dans la région C-terminale, et notamment le remplacement de la cystéine 667 par une valine, et l'ajout de 18 acides aminés C-terminaux supplémentaires. Ainsi, cette protéine d'enveloppe comporte une extrémité C-terminale particulière, de séquence Val-Lys-Ile-Leu-Val-Leu-Arg-Gln-Lys-Tyr-Gln-Ala-Leu-Glu-Asn-Gly-Asn-Leu (SEQ ID NO:3). Un objet de la présente invention réside donc dans une protéine d'enveloppe rétrovirale GALV, caractérisée en ce qu'elle comprend une extrémité C-terminale de séquence SEQ ID NO:3 ou un variant fonctionnel de celle-ci, c'est-à-dire une séquence modifiée, comme détaillé plus loin, sans induire de fusogénicité pour la protéine d'enveloppe.

Plus particulièrement, l'invention concerne une protéine d'enveloppe rétrovirale GALV, caractérisée en ce qu'elle comprend un domaine intracytoplasmique de séquence Lys-Leu-Val-Gln-Phe-Ile-Asn-Asp-Arg-Ile-Ser-Ala-Val-Lys-Ile-Leu-Val-Leu-Arg-Gln-Lys-Tyr-Gln-Ala-Leu-Glu-Asn-Gly-Asn-Leu (SEQ ID NO:4) ou un variant fonctionnel de celle-ci. La présente invention montre maintenant qu'une protéine d'enveloppe GALV telle que définie ci-dessus n'est pas fusogénique, et peut donc être utilisée pour la construction de rétrovirus recombinants. L'invention concerne également tout anticorps dirigé contre la séquence SEQ ID NO:3 définie ci-dessus.

[0017] La séquence complète de la protéine d'enveloppe GALV est représentée sur la séquence SEQ ID NO: 2 (Figure 1). La phase codant pour la protéine d'enveloppe s'étend du nucléotide en position 1 jusqu'au nucléotide en position 2058 de la séquence SEQ ID NO:1. Le codon TAA aux positions 2056-2058 correspond au codon stop. Le nucléotide en position 1 correspond au nucléotide 5552 du génome du virus GALV (Delassus S. et al., Virology 173, 205-213 (1989)). L'enveloppe GALV complète codée par cette séquence comporte donc 685 acides aminés, et non 667 comme décrit par Delassus et al. Les résultats présentés dans les exemples indiquent que l'expression de cette protéine complète n'induit pas la fusion de cellules portant le récepteur Galv.

[0018] Par ailleurs, l'invention montre également que des protéines chimériques peuvent être construites, conservant le tropisme des enveloppes GALV, mais dépourvues de fusogénicité, par délétion de tout ou partie du domaine intracytoplasmique et substitution de celui-ci par un domaine intracytoplasmique hétérologue. L'invention décrit en effet la partie minimale du domaine C-terminal de l'enveloppe qu'il est nécessaire de conserver pour abolir l'effet fusogène des protéines d'enveloppe.

[0019] Ainsi, un objet de l'invention réside également dans une protéine d'enveloppe chimérique caractérisée en ce qu'elle comprend au moins une partie du domaine extracellulaire de l'enveloppe du virus GALV ou d'un variant fonctionnel de celui-ci.

[0020] L'invention a aussi pour objet toute protéine d'enveloppe chimérique comprenant, liés de manière fonctionnelle:

- (i) une partie N-terminale comprenant le domaine extracellulaire de la protéine, choisie pour un tropisme désiré,
- (ii) un domaine transmembranaire, et
- (iii) une extrémité C-terminale comprenant le domaine (intra)cytoplasmique de la protéine, choisie de telle sorte que la protéine d'enveloppe chimérique ne soit pas fusogène dans les cellules.

[0021] Au sens de l'invention, le terme "chimérique" désigne une protéine comprenant deux éléments au moins ayant une origine distincte. Il peut s'agir par exemple de deux éléments provenant de protéines d'espèces différentes ou ayant des propriétés différentes. Généralement, le terme chimérique désigne une protéine hybride entre deux régions au moins de deux protéines d'enveloppe hétérologues ou entre une région d'une enveloppe et une région d'une protéine distincte, par exemple une partie cytoplasmique et éventuellement transmembranaire d'une protéine d'enveloppe et une partie N-terminale provenant de toute autre protéine capable de conférer à la molécule un tropisme donné (anticorps ou fragments ou dérivés, ligands, récepteur, etc.). La protéine chimérique peut être le résultat d'une association chimique, génétique ou biologique. Généralement, il s'agit d'un couplage génétique, donnant lieu à une protéine de fusion, par expression dans une cellule appropriée.

[0022] Les protéines d'enveloppe selon l'invention sont donc généralement composées de trois domaines fonctionnels principaux, un domaine extracellulaire, un domaine transmembranaire et un domaine cytoplasmique.

[0023] Comme indiqué ci-avant, dans un mode particulier de mise en oeuvre, les protéines chimériques de l'invention comprennent comme région N-terminale (i), tout ou partie du domaine extracellulaire de la protéine d'enveloppe de GALV ou d'un variant fonctionnel de celui-ci. De manière surprenante, les demandeurs ont en effet montré que le caractère fusogénique de GALV pouvait être supprimé (ou réduit), tout en conservant le domaine extracellulaire (et donc le tropisme avantageux) de cette enveloppe. Ce résultat est d'autant plus surprenant que le domaine extracellulaire, de par sa localisation (exposé à la surface des membranes des cellules qui le produisent, et également des particules rétrovirales), pouvait a priori être supposé jouer un rôle essentiel dans le phénomène de fusion. Les résultats présentés dans la présente demande de brevet montrent maintenant que des enveloppes chimériques de type GALV peuvent être construites, fonctionnelles, conservant le tropisme du GALV, et non fusogéniques. Ces constructions permettent donc de produire des rétrovirus recombinants dans des conditions avantageuses, comme il sera explicité plus loin.

[0024] Le domaine extracellulaire de la protéine d'enveloppe GALV selon l'invention correspond essentiellement aux résidus d'acides aminés 1 à 490 (correspondant aux nucléotides 1 à 1468) de la séquence SEQ ID NO: 1. Les résidus aux positions 491 à 655 (correspondant aux nucléotides 1469 à 1963) représentent le domaine transmembranaire de la protéine, et les résidus aux positions 656 à 685 (correspondant aux nucléotides 1964 à 2058) représentent le domaine (intra)cytoplasmique de l'enveloppe GALV.

[0025] Dans un mode préféré de mise en oeuvre, les protéines chimériques de l'invention comprennent donc tout ou partie du domaine extracellulaire de la protéine d'enveloppe GALV ou d'un variant fonctionnel de celui-ci. L'expres-

sion "tout ou partie" indique que les chimères de l'invention peuvent comprendre soit l'intégralité du domaine, soit une partie seulement de celui-ci. Au sens de l'invention, la partie du domaine extracellulaire peut comprendre avantageusement 50% au moins des résidus du domaine, de préférence 60% au moins, encore plus préférentiellement 75% au moins. Cette partie peut être obtenue par les techniques classiques de biologie moléculaire, impliquant par exemple la coupure enzymatique, la ligature, l'amplification, le clonage, etc, comme illustré dans la partie expérimentale.

**[0026]** Avantageusement, il s'agit d'une partie fonctionnelle du domaine considéré. A cet égard, le terme "variant fonctionnel" ou "partie fonctionnelle" du domaine extracellulaire, désigne plus spécifiquement toute partie ou variant conservant la capacité d'interagir avec le récepteur de l'enveloppe considérée. Le récepteur Glvr-1 (également désigné PiT-1) est le récepteur naturel de l'enveloppe GALV. Lorsque ce récepteur est présent à la surface des cellules, ces cellules sont permissives au virus GALV. Une propriété avantageuse des enveloppes chimériques selon l'invention est qu'elles présentent préférentiellement la capacité de liaison au récepteur Glvr-1.

**[0027]** La capacité de liaison au récepteur Glvr-1 des domaines extracellulaires (variants ou fragments de GALV) ou des enveloppes chimériques de l'invention peut être testée dans différentes conditions, et notamment par :

- 15 - incubation dudit domaine ou de l'enveloppe entière en présence du récepteur Glvr-1, et mise en évidence d'une fixation par les techniques classiques (marquage, compétition, etc.). Le récepteur utilisé peut être sous forme purifiée, le cas échéant fixé sur un support. Il peut également s'agir d'une cellule ou membrane cellulaire exprimant ledit récepteur ;
- 20 - par production de rétrovirus recombinants comprenant ladite enveloppe chimérique, et mise en évidence de la capacité desdits rétrovirus d'infecter une cellule porteuse du récepteur ; ou encore
- par toute autre technique connue de l'homme du métier.

25 **[0028]** En outre, le terme variant indique tout polypeptide comportant une ou plusieurs modifications de structure primaire, en particulier une ou plusieurs mutations, délétions, substitutions et/ou additions de résidus d'acides aminés, de préférence de moins de 30 acides aminés.

**[0029]** Plus préférentiellement, les protéines chimères de l'invention comprennent tout ou partie du domaine extracellulaire de la protéine d'enveloppe GALV représenté par les acides aminés 1 à 490 de la séquence SEQ ID NO:1 ou d'un variant fonctionnel de celui-ci.

30 **[0030]** Une variante particulière de l'invention consiste en une protéine chimère comprenant le domaine extracellulaire de la protéine d'enveloppe GALV représenté par les acides aminés 1 à 490 de la séquence SEQ ID NO:1.

**[0031]** Comme indiqué ci-avant, le domaine N-terminal des protéines chimères de l'invention peut en outre être composé de tout domaine protéique susceptible de conférer à l'enveloppe un tropisme particulier (autre enveloppe virale, enveloppe cellulaire, anticorps ou fragment ou dérivé d'anticorps, ligand, etc.).

35 **[0032]** Dans un premier mode particulier de mise en oeuvre, les protéines chimériques selon l'invention comprennent au moins une partie ou un variant fonctionnel du domaine extracellulaire de la protéine d'enveloppe GALV, un domaine transmembranaire hétérologue et un domaine cytoplasmique hétérologue. Une variante plus particulière réside dans une protéine d'enveloppe comprenant un domaine extracellulaire représenté par les acides aminés 1 à 490 de la séquence SEQ ID NO:1, plus un domaine transmembranaire et un domaine cytoplasmique hétérologues.

40 **[0033]** Dans un autre mode préféré de mise en oeuvre, les protéines chimériques selon l'invention comprennent au moins une partie du domaine extracellulaire et du domaine transmembranaire de l'enveloppe du virus GALV ou d'un variant fonctionnel de ceux-ci.

45 **[0034]** Avantageusement, les protéines chimères de l'invention comprennent tout ou partie des domaines extracellulaire et transmembranaire de la protéine d'enveloppe GALV représentés par les acides aminés 1 à 655 de la séquence SEQ ID NO:1 ou d'un variant fonctionnel de ceux-ci. Le terme variant fonctionnel est défini comme ci-avant. Dans le cas d'un domaine transmembranaire, il s'agit de tout variant conservant la capacité de s'insérer dans la membrane cellulaire.

50 **[0035]** Préférentiellement, les protéines chimères de l'invention comprennent l'intégralité du domaine extracellulaire de la protéine d'enveloppe GALV. Dans un autre mode préféré, les protéines chimères de l'invention comprennent l'intégralité du domaine transmembranaire de la protéine d'enveloppe GALV. Un mode de réalisation particulier de l'invention est représenté par une protéine d'enveloppe chimérique caractérisée en ce qu'elle comprend une région de l'enveloppe GALV consistant en la séquence correspondant aux résidus d'acides aminés 1 à 655 de la séquence SEQ ID NO:1.

55 **[0036]** Les protéines d'enveloppe selon la présente invention sont plus particulièrement caractérisées en ce qu'elle comprennent un domaine cytoplasmique d'une enveloppe hétérologue. Le terme "enveloppe hétérologue" désigne toute protéine d'enveloppe autre que la protéine d'enveloppe du virus GALV dont la séquence est représentée sur la SEQ ID NO:5. En particulier, il peut s'agir d'une enveloppe provenant d'un variant de GALV ayant une séquence dif-

férente de la séquence SEQ ID NO:5 (notamment un domaine cytoplasmique de séquence SEQ ID NO:4 ou un variant fonctionnel de celle-ci), d'une enveloppe d'un rétrovirus d'un autre type que GALV, d'une enveloppe cellulaire ou synthétique.

**[0037]** Par ailleurs, comme indiqué ci-avant, les protéines chimériques selon la présente invention peuvent également comporter un domaine transmembranaire hétérologue, c'est-à-dire tout domaine protéique ayant la capacité de s'insérer dans la membrane cellulaire, autre que le domaine transmembranaire de la protéine d'enveloppe du virus GALV dont la séquence est représentée sur la SEQ ID NO:1. Il peut s'agir du domaine transmembranaire d'une enveloppe hétérologue, ou également d'un domaine transmembranaire artificiel ou dérivé de toute protéine membranaire (récepteur, canal ionique, etc.). Préférentiellement, le domaine transmembranaire est un domaine de protéine d'enveloppe rétrovirale, notamment de GALV ou d'une enveloppe hétérologue.

**[0038]** La protéine d'enveloppe hétérologue peut être toute protéine d'enveloppe connue de l'homme de l'art, telle que par exemple la protéine d'enveloppe des virus 4070A, 10A1, VSV, VIH, du virus de la rage, du virus GALV, ou également une protéine d'enveloppe cellulaire.

**[0039]** Préférentiellement, la protéine d'enveloppe hétérologue est une protéine d'enveloppe d'un rétrovirus ayant un tropisme pour les cellules humaines, notamment un rétrovirus amphotrope. A cet égard, on peut citer la protéine d'enveloppe des rétrovirus 4070A, 10A1, etc. Une protéine d'enveloppe hétérologue particulièrement préférée au sens de l'invention est la protéine d'enveloppe du rétrovirus 4070A. Cette protéine d'enveloppe a été décrite dans la littérature et est couramment utilisée pour la construction de rétrovirus recombinants (voir notamment Ott et al., J. Virol. Vol. 64, p757-766, 1990). La séquence du domaine cytoplasmique de cette protéine est représentée sur la séquence SEQ ID NO: 6 : la partie cytoplasmique s'étend des acides aminés 635 à 667 (Figure 2) de la séquence SEQ ID NO: 6.

**[0040]** Dans un mode particulier de réalisation, l'invention concerne donc une protéine d'enveloppe chimérique, comprenant tout ou partie des domaines extracellulaire et transmembranaire de la protéine d'enveloppe GALV et le domaine cytoplasmique de l'enveloppe du rétrovirus 4070A, plus spécifiquement la séquence d'acides aminés du domaine cytoplasmique représenté de l'acide aminé 635 à l'acide aminé 667 dans la séquence SEQ ID NO: 6.

**[0041]** Dans un mode de réalisation spécifique, l'invention concerne une protéine d'enveloppe chimérique caractérisée en ce qu'elle comprend, en N-terminal, les résidus d'acides aminés 1 à 655 de la séquence SEQ ID NO:1 fusionnés aux résidus d'acides aminés 635 à 667 de la séquence SEQ ID NO: 6 (en C-terminal).

**[0042]** Dans un autre mode de réalisation, il s'agit d'une protéine d'enveloppe chimérique comprenant une région N-terminale déterminée, liée à la séquence comprise entre les résidus 491-685 de la séquence SEQ ID NO:2 ou un variant fonctionnel de celle-ci.

**[0043]** Une enveloppe chimérique non fusogène particulière de l'invention comprend, comme région C-terminale (iii), la séquence SEQ ID NO:4 ou un variant fonctionnel de celle-ci. Les variants fonctionnels de domaines cytoplasmiques selon l'invention, capables de conférer un caractère non-fusogène aux protéines, peuvent être construits par mutation(s), délétion(s), substitution(s) et/ou insertion(s), comme décrit ci-avant, puis testés sur le plan fonctionnel par un procédé comprenant :

- la liaison dudit domaine à un domaine extracellulaire et un domaine transmembranaire de protéines d'enveloppe (par exemple la région 1-655 de la séquence SEQ ID NO:2),
- mesure de l'activité fusogène de la protéine chimère obtenue sur des cellules possédant le récepteur correspondant au domaine extracellulaire utilisé. Le test de fusogénicité peut être réalisé comme décrit par Lavillette et al., 1998).

**[0044]** Selon l'invention, un variant est considéré comme fonctionnel si la fusogénicité de la protéine chimérique n'est pas augmentée de plus de 25% par rapport à la même protéine comportant le domaine cytoplasmique de référence. A cet égard, de manière plus générale, cette méthodologie permet également, selon la présente invention, de déterminer la région cytoplasmique minimale des protéines d'enveloppe permettant d'éviter la fusogénicité. De telles régions minimales peuvent être utilisées comme région (iii) dans les protéines de l'invention, pour fabriquer des enveloppes non-fusogènes.

**[0045]** Les protéines d'enveloppe chimères selon l'invention comprennent donc avantageusement un domaine extracellulaire, un domaine transmembranaire et un domaine cytoplasmique. Ces différents domaines sont liés de manière fonctionnelle les uns aux autres, c'est-à-dire de sorte que chaque domaine conserve une activité dans la protéine chimérique. Généralement, les domaines sont directement liés les uns aux autres, sans l'intervention d'une molécule (peptide) espaceur. Néanmoins, il est possible que des régions neutres sur le plan fonctionnel soient intercalées entre les/des domaines, notamment du fait des techniques de synthèse utilisées. Ainsi, lorsque les acides nucléiques sont préparés, il est possible que des résidus nouveaux apparaissent, codés par exemple par des sites de restriction. Préférentiellement, de tels peptides espaceurs sont de taille très réduite, en particulier de 1 à 3 résidus.

**[0046]** L'invention concerne en outre toute composition comprenant une protéine ou un polypeptide de l'invention.

**[0047]** Un autre objet de l'invention réside également dans un acide nucléique codant pour une protéine telle que définie ci-avant. Il peut s'agir notamment d'un ADN (notamment ADNc) ou d'un ARN. Il peut en outre s'agir d'un acide nucléique de nature synthétique ou semi-synthétique, optimisé pour un usage de codons particulier, ou comprenant un ou plusieurs introns artificiels en vue de favoriser l'expression, etc. L'acide nucléique peut être préparé par les techniques classiques de la biologie moléculaire (criblage de banques, synthèse artificielle, amplification, coupures/ligations, clonages, etc.). Généralement, pour la constitution des acides nucléiques de l'invention, la région codant pour le ou les domaines de l'enveloppe GALV est préparée, puis assemblée à la région codant pour le(s) domaine(s) de l'enveloppe hétérologue.

**[0048]** Ainsi, un objet particulier de l'invention réside également dans un acide nucléique codant pour une protéine d'enveloppe GALV comprenant une extrémité C-terminale de séquence SEQ ID NO:3 telle que définie ci-avant, plus particulièrement un domaine cytoplasmique de séquence SEQ ID NO:4 tel que défini ci-avant. Un mode spécifique de réalisation comprend un acide nucléique tel que représenté sur la séquence SEQ ID NO:1, du nucléotide en position 1 jusqu'à un nucléotide compris entre les positions 2056 et 2129 inclus de la séquence SEQ ID NO: 1.

**[0049]** Des modes de réalisation plus spécifiques de l'invention sont représentés par:

- un acide nucléique codant pour une protéine d'enveloppe GALV, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence s'étendant du nucléotide en position 1 jusqu'à un nucléotide compris entre les positions 2056 et 2112 inclus de la séquence SEQ ID NO: 1;
- un acide nucléique codant pour une protéine d'enveloppe GALV, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence s'étendant du nucléotide en position 1 jusqu'au nucléotide 2058 de la séquence SEQ ID NO: 1 ;

**[0050]** L'invention concerne également les variants des séquences ci-dessus, tels que notamment les séquences résultant de la dégénérescence du code génétique et codant pour une protéine de même structure primaire, les variants résultant du polymorphisme du virus GALV, les variants présentant des altérations génétiques et codant pour une protéine d'enveloppe de type GALV fonctionnelle, c'est-à-dire essentiellement non-fusogénique et capable de lier le récepteur Glvr-1. L'invention concerne en outre toute séquence hybridant avec les séquences ci-dessus, de préférence dans des conditions de stringence élevée, et codant pour une protéine d'enveloppe de type GALV fonctionnelle.

**[0051]** La présente invention est également relative à tout vecteur comprenant un acide nucléique tel que défini ci-dessus. Un vecteur selon l'invention peut être de nature plasmidique, épisomique, chromosomique, virale, etc. Il s'agit plus particulièrement d'un vecteur plasmidique, par exemple construit à partir de plasmides connus tels que pBR, pUC, pBS, pCI, etc. Avantagusement, dans les vecteurs, les acides nucléiques de l'invention sont placés sous le contrôle d'un promoteur transcriptionnel. Il peut s'agir à cet effet d'un promoteur transcriptionnel fort ou faible, constitutif ou sélectif, régulé ou non, d'origine cellulaire (procaryote, eucaryote, y compris mammifère, dont humain), virale ou artificielle. Des promoteurs utilisables à cet effet sont par exemple les promoteurs CMV, PGK, TK, SV40, etc. Le choix du promoteur peut être aisément réalisé par l'homme de l'art en fonction des applications recherchées.

**[0052]** Préférentiellement, le vecteur de l'invention comprend en outre une origine de réplication, notamment une origine de réplication fonctionnelle dans les cellules procaryotes, permettant une manipulation et une production aisées des vecteurs dans ce type d'hôtes (par exemple dans les bactéries, notamment E. coli). Par ailleurs, le vecteur peut également comprendre un gène marqueur, permettant de sélectionner les cellules dans lesquelles le vecteur a été introduit. Il peut s'agir notamment d'un gène de résistance à un composé (par exemple à un antibiotique).

**[0053]** Un autre objet de l'invention concerne toute cellule comprenant un acide nucléique ou un vecteur tels que définis ci-avant. Une telle cellule peut être procaryote ou eucaryote. En outre parmi les eucaryotes, il peut s'agir d'un eucaryote inférieur (par exemple une levure) ou d'un eucaryote supérieur (cellule végétale, animale, humaine, etc.).

**[0054]** Avantagusement, l'invention concerne toute cellule de packaging de rétrovirus, caractérisée en ce qu'elle comprend un acide nucléique ou un vecteur tels que définis ci-avant et un acide nucléique codant pour les protéines rétrovirales gag et pol. Une telle cellule de packaging est préférentiellement une cellule de mammifère, telle qu'un fibroblaste, d'insecte, ou bien, de préférence, humaine (cellule embryonnaire par exemple). Pour cet objet plus particulier, on utilise avantagusement des cellules cultivables, non-pathogènes, et transfectables par des acides nucléiques. Des exemples particuliers sont des cellules embryonnaires de rein ou de rétine humaine, ou de lignées cancéreuses humaines.

**[0055]** Pour la préparation des cellules de l'invention, les acides nucléiques ou vecteurs peuvent être introduits dans les cellules par toute technique connue de l'homme du métier (ADN "nu", électroporation, précipitation au phosphate de calcium, "gene gun", vecteur lipidique, cationique, polymérique, etc.). Après incubation, les cellules sont sélectionnées, soit sur la base de l'expression de l'enveloppe, soit sur la base de l'expression du gène marqueur (par exemple par culture en milieu antibiotique). Ces cellules peuvent alors être maintenues en culture, ou clonées et/ou conservées sous forme congelée, par exemple.

**[0056]** L'invention réside également dans l'utilisation d'un acide nucléique ou d'un vecteur tels que définis ci-avant pour la production d'une cellule de packaging de rétrovirus. L'invention réside en outre dans une méthode de production

d'une cellule de packaging de rétrovirus, comprenant l'introduction, dans une cellule compétente, d'un acide nucléique ou d'un vecteur tels que définis ci-avant et d'un ou plusieurs acides nucléiques codant pour les protéines rétrovirales gag et pol. Les différents acides nucléiques peuvent être introduits de manière simultanée ou séquentielle, dans un ordre indifférent. Les cellules compétentes sont toutes cellules telles que définies ci-avant.

5 **[0057]** Les protéines d'enveloppe de type-GALV de l'invention telles que décrites ci-avant présentent des propriétés fonctionnelles avantageuses, telles que notamment une absence de fusogénicité. Ainsi, alors que les protéines GALV connues jusqu'à présent induisent une fusion de cellules humaines les produisant, les protéines d'enveloppe chimériques de l'invention sont préférentiellement dépourvues de cet inconvénient. Ces enveloppes peuvent donc être utilisées avantageusement pour la production de rétrovirus recombinants dans des cellules humaines. Ceci représente un avantage important par rapport à l'art antérieur, puisque les rétrovirus produits dans les lignées classiques (fibro-

10 blastes murins) possèdent des déterminants antigéniques murins et sont donc potentiellement immunogènes. **[0058]** A cet égard, l'invention a aussi pour objet un procédé de production de rétrovirus recombinants défectifs, comprenant l'introduction, dans une cellule de packaging selon l'invention, d'un vecteur rétroviral, et la récupération des virus recombinants produits. Les virus produits peuvent être récupérés par toute technique classique, telle que récolte du surnageant, éventuellement purification des rétrovirus par des étapes de centrifugation et/ou chromatographie. L'invention a également pour objet tout rétrovirus comprenant, dans sa structure, une protéine d'enveloppe telle que décrite ci-avant. Il s'agit plus particulièrement d'un rétrovirus recombinant, en particulier défectif, par exemple produit selon le procédé décrit ci-dessus.

20 **[0059]** Par ailleurs, comme indiqué ci-avant, un autre aspect de la présente invention réside dans l'utilisation de protéines d'enveloppes, notamment rétrovirales, fusogéniques pour induire la destruction de cellules.

**[0060]** Ainsi, l'invention décrit également la construction d'enveloppes rétrovirales modifiées, fusogènes, et leur utilisation comme molécules toxiques pour induire la destruction de cellules in vitro, ex vivo ou in vivo.

25 **[0061]** En effet, la présente invention montre qu'il est possible de modifier la structure des protéines d'enveloppe, notamment rétrovirales pour produire des polypeptides fusogènes. La présente invention réside également dans l'utilisation des ces propriétés fusogéniques comme agents de toxicité cellulaire. Cette utilisation est avantageuse puisque, contrairement à certaines toxines connues et utilisées, elle ne se manifeste pas dans certains types cellulaires et peut donc (i) permettre une production en quantités importantes dans des cellules résistantes et (ii) permettre une destruction efficace de cellules in vitro, ex vivo ou in vivo.

30 **[0062]** L'invention a donc également pour objet l'utilisation de protéines d'enveloppe fusogène (ou de tout acide nucléique codant de telles protéines) comme agent de toxicité cellulaire, i.e., pour induire une destruction de cellules, in vitro, ex vivo ou in vivo. L'invention concerne notamment l'utilisation de protéines d'enveloppe fusogène pour la préparation de compositions (pharmaceutiques) destinées à la mise en oeuvre d'une méthode de traitement thérapeutique et/ou vaccinal, notamment pour le traitement de cellules humaines in vitro, ex vivo ou in vivo. L'invention concerne également une méthode de destruction de cellules comprenant la mise en contact de cellules avec une

35 enveloppe fusogène ou tout acide nucléique codant une telle enveloppe. L'invention concerne également une méthode de traitement de cellules pour rendre cellules-ci fusogènes, comprenant la mise en contact de cellules avec une enveloppe fusogène ou tout acide nucléique codant une telle enveloppe. **[0063]** Cette application de l'invention peut être mise en oeuvre aussi bien pour induire la destruction de cellules, que pour faciliter leur fusion. Ainsi, cette application peut être utilisée pour réaliser (ou faciliter) la fusion de cellules

40 immortalisées (par exemple tumorales) avec des cellules d'intérêt (des cellules productrices d'anticorps ou présentatrices d'antigènes, par exemple). Un exemple particulier concerne la préparation d'hybridomes par fusion de cellules productrices d'anticorps avec des cellules immortalisées (par exemple de myelome). En présence de protéines fusogènes de l'invention, cette fusion est favorisée et le procédé de préparation d'hybridomes est amélioré. Il peut bien entendu s'agir d'un procédé de préparation de toute fusion cellulaires, entre des cellules animales, insectes ou végétales, possédant le récepteur du domaine extracellulaire de l'enveloppe utilisée.

45 **[0064]** Plus spécifiquement, les protéines d'enveloppe fusogènes selon l'invention sont des protéines de type rétroviral, c'est-à-dire dérivées de protéines d'enveloppe rétrovirales. Généralement, il s'agit de protéines d'enveloppe rétrovirales modifiées dans la région C-terminale. En effet, la présente invention montre à présent que la modification de l'extrémité C-terminale d'une protéine d'enveloppe rétrovirale peut induire l'apparition de propriétés fusogènes chez cette protéine. Ainsi, la présente demande montre notamment que le domaine cytoplasmique des protéines d'en-

50 **[0065]** Ainsi, la présente invention réside dans l'utilisation de protéines d'enveloppe rétrovirales modifiées, fusogènes, pour traiter des cellules et/ou induire leur destruction. Plus particulièrement, il s'agit de protéines d'enveloppe rétrovirales fusogènes modifiées dans la région C-terminale, notamment dans le domaine cytoplasmique. Encore plus particulièrement, il s'agit de protéines d'enveloppe rétrovirales fusogènes comprenant une délétion de tout ou partie de leur domaine (intra)cytoplasmique.

55 **[0066]** De telles protéines d'enveloppe peuvent être préparées à partir d'enveloppe différentes, notamment rétro-



rales, telles que mentionnées ci-avant. Il peut s'agir notamment d'une enveloppe d'un rétrovirus ayant un tropisme pour les cellules humaines, ce qui permet de générer une protéine fusogénique susceptible d'induire la destruction de cellules humaines. A cet égard, on peut citer plus spécifiquement les enveloppes de rétrovirus de type C, tels que GALV, 4070A, 10A1, MuLV, VSV, VIH ou du virus de la rage. Comme illustré sur la figure 6, les domaines cytoplasmiques des protéines d'enveloppe GALV, 4070A, 10A1, MuLV présentent des régions d'homologie forte, qui peuvent être modifiées pour produire des molécules fusogènes.

**[0067]** L'invention concerne aussi un procédé de préparation d'une protéine fusogène, comprenant (i) la modification de la région cytoplasmique d'une protéine d'enveloppe, notamment rétrovirale, et (ii) la mise en évidence de l'activité fusogène de la protéine, par exemple par incubation en présence de cellules exprimant le récepteur de l'enveloppe. La modification de la région cytoplasmique de la protéine comprend plus spécifiquement la délétion de tout ou partie de cette région, notamment d'un fragment de l'extrémité C-terminale comprenant au moins 5 acides aminés, de préférence au moins 10 acides aminés, encore plus préférentiellement au moins 15 acides aminés. La modification peut également comprendre toute autre inactivation, telle que des mutations et/ou insertions inactivantes dans la région concernée.

**[0068]** Dans un mode particulier de mise en oeuvre, la protéine d'enveloppe est une protéine d'enveloppe de rétrovirus de type C, notamment GALV, 4070A, 10A1 ou MuLV et la modification comprend la suppression d'une région du domaine cytoplasmique comprenant au moins tout ou partie des résidus situés du côté C-terminal du motif LVL.

**[0069]** Dans un autre mode de réalisation, la protéine d'enveloppe fusogène de l'invention est une protéine chimérique comprenant un domaine extracellulaire ayant un tropisme désiré, un domaine transmembranaire, et un domaine cytoplasmique construit comme décrit ci-dessus, de manière à conférer à ladite protéine une activité fusogène. Ces différents domaines peuvent être construits et assemblés comme décrits ci-avant pour les chimères non-fusogènes.

**[0070]** Les protéines d'enveloppe fusogènes ainsi construites et testées peuvent être produites, de préférence sous forme recombinante. Préférentiellement, elles sont produites à partir d'un vecteur rétroviral (sous forme de particules rétrovirales incorporant un tel vecteur). Dans ce mode de réalisation, un vecteur rétroviral comprenant une séquence nucléique codant une protéine fusogène selon l'invention est introduit dans une lignée de packaging de rétrovirus, résistante à la fusogénicité. Une telle lignée est généralement une lignée de cellules n'exprimant pas (ou peu) le récepteur de l'enveloppe. Ainsi, dans le cas particulier de l'enveloppe GALV, on peut utiliser une lignée de packaging murine. Par ailleurs, il peut s'agir d'une lignée de packaging modifiée pour ne plus exprimer de récepteur fonctionnel à la protéine d'enveloppe considérée. Ainsi, dans le cas particulier de l'enveloppe GALV, on peut envisager d'utiliser une lignée de packaging d'origine humaine dont le génome a été modifié par inactivation du gène codant le récepteur de l'enveloppe (i.e., le récepteur Glvr-1 de GALV). La lignée de packaging utilisée est une lignée exprimant les régions gag et pol de rétrovirus, et éventuellement la région env d'un rétrovirus. Le vecteur rétroviral décrit ci-dessus, comprenant une séquence nucléique codant une protéine fusogène selon l'invention constitue un autre objet de la présente invention. Un tel vecteur comprend avantageusement une séquence LTR à chaque extrémité et un site d'encapsidation.

**[0071]** Lorsque la protéine d'enveloppe est exprimée à partir d'une particule rétrovirale, la mise en contact des cellules à traiter (notamment à détruire) avec l'enveloppe fusogène est réalisée par mise en contact des cellules in vitro, ex vivo ou in vivo avec les particules rétrovirales. L'infection des cellules conduit à l'expression de l'enveloppe dans les membranes cellulaires. Ces protéines d'enveloppe sont ensuite capables d'induire la fusion des cellules traitées avec tout cellule exprimant le récepteur de l'enveloppe.

**[0072]** A titre d'exemple plus spécifique, le vecteur rétroviral ainsi produit peut être introduit dans des cellules humaines cibles (par exemple des cellules cancéreuses, des cellules infectées par un virus ou produites dans le cas de maladies autoimmunes) pour générer une réaction toxique pour ladite cellule, résultant du caractère fusogénique de l'enveloppe.

**[0073]** Bien entendu, les protéines d'enveloppe fusogènes peuvent également être produites par expression à partir de tout autre système vecteur, notamment à partir d'un vecteur plasmidique ou viral. Un exemple particulier est un vecteur adénoviral comprenant un acide nucléique codant une enveloppe telle que définie ci-avant. La préparation de tels adénovirus peut être réalisée selon les techniques connues de l'homme du métier, par exemple par délétion de tout ou partie de la région E1, E2, E3 et/ou E4 du génome adénoviral, insertion dans ce génome de l'acide nucléique codant, puis introduction du génome ainsi préparé dans une cellule de packaging appropriée, par exemple dérivée des cellules 293, le cas échéant en présence de plasmide(s) ou virus helper. Dans ce mode de mise en oeuvre, il n'est pas nécessaire que la lignée de packaging utilisée soit dépourvue du récepteur d'enveloppe, puisque la phase de production conduit à une lyse des cellules par les adénovirus.

**[0074]** Plus particulièrement, cette utilisation selon l'invention peut être appliquée à la destruction de cellules sensibles à l'enveloppe utilisée, (par exemple GALV), en particulier de cellules possédant le récepteur de l'enveloppe utilisée (le récepteur Glvr-1 pour GALV). Les propriétés fusogènes peuvent ainsi être appliquées au traitement de cellules humaines pathologiques (cancéreuse, resténose, autoimmunes, etc.).

**[0075]** D'autres aspects et avantages de la présente invention apparaîtront à la lecture des exemples qui suivent, qui doivent être considérés comme illustratifs et non limitatifs.

## Légende des Figures

### FIGURE 1 :

- 5 [0076] Séquence de l'enveloppe GALV (correspondant à la partie 3' du génome du virus), de l'acide aminé en position 1 à l'acide aminé en position 685 (SEQ ID NO: 1).

### FIGURE 2 :

- 10 [0077] Séquence de la protéine d'enveloppe du rétrovirus 4070A (SEQ ID NO:6). Le domaine cytoplasmique s'étend des résidus 635 à 667.

### FIGURE 3 :

- 15 [0078] Séquence de la partie 3' du génome du virus GALV telle que décrite dans l'art antérieur (SEQ ID NO:5). La région correspondant à la protéine d'enveloppe s'étend du nucléotide 1 au nucléotide 2004, correspondant aux nucléotides 5552 à 7555 du génome.

### FIGURE 4 :

- 20 [0079] Comparaison de la séquence nucléique et protéique du domaine cytoplasmique des protéines d'enveloppe de séquence SEQ ID NO:1 et 5.

### FIGURE 5 :

- 25 [0080] Comparaison de la séquence protéique du domaine cytoplasmique des protéines d'enveloppe de séquence SEQ ID NO:2 et 5.

### Figure 6 :

- 30 [0081] Comparaison de la séquence d'acides aminés de domaines cytoplasmiques de protéines d'enveloppe de rétrovirus de type C.  
[0082] Dans la description, les exemples et les revendications, il est fait référence au Listing de Séquences, dont le texte libre est reproduit ci-dessous :

- 35 <223> Enveloppe GALV  
<223> Enveloppe GALV  
40 <223> Extrémité C-terminale Enveloppe GALV  
<223> Domaine Cytoplasmique Enveloppe GALV  
<223> Enveloppe GALV  
45 <223> Enveloppe amphotrope 4070A  
<223> Oligonucléotide OUGalv5' Nsi  
50 <223> Oligonucléotide OLCT1Cla  
<223> Oligonucléotide OLCT2Cla  
<223> Oligonucléotide OLCT3Cla  
55 <223> Oligonucléotide OLCT4Cla  
<223> Oligonucléotide 5' Nhe1

<223> Oligonucléotide 3' Xba1

<223> Oligonucléotide 3' Xba1

## 5 Exemples

### Exemple 1

[0083] Constructions génétiques codant pour une enveloppe GALV non fusogénique.

10

#### 1.1. Plasmides et constructions.

[0084] Le plasmide CMV-GALV (Chapel-Fernandes et al., 1998) exprime le gène env codant pour la glycoprotéine d'enveloppe du rétrovirus GALV (gibbon ape leukemia virus). Les sites NsiI et ClaI sont uniques à l'extrémité 3' du gène env et ont été utilisés pour cloner les fragments suivants :

15

- CT1, dont l'extrémité 3' (nt 7663) est dans le LTR (long terminal repeat, début: nt 7651) de GALV,
- CT2, CT3, et CT4 dont les extrémités 3' (respectivement aux positions 7606, 7588 et 7552) sont dans la région située entre le gène env et le LTR. Les positions ci-dessus sont données par référence à la séquence génomique de GALV.

20

[0085] Ces fragments sont obtenus par PCR au moyen d'un oligonucleotide "upper" commun (OUGalv5'Nsi), et d'oligonucléotides "lower" uniques pour chaque fragment (OLCT1Cla, OLCT2Cla, OLCT3Cla, et CLCT4Cla), apportant un codon stop dans les trois cadres de lecture et en particulier celui propre au gène env, suivis d'un site ClaI. Les séquences des oligonucléotides, obtenus à partir de la séquence du GALV, sont :

25

OUGalv5'Nsi (SEQ ID NO: 7) :

30

5'-GAGCGCCAGAAAAGCCAAACTGGTATGAAGG

OLCT1Cla (SEQ ID NO: 8) :

35

5'- GATCATCGATTATTTATTTACACTTCTTTCATTCCCCCATTTCTCTTG

OLCT2Cla (SEQ ID NO: 9) :

40

5'-GATCATCGATTATTTATTTAAAGGTTACCTTCGTTCTCTAGGGCCTGA

45 OLCT3Cla (SEQ ID NO: 10):

5'-GATCATCGATTATTTATTTATAGGGCCTGATATTTTGTCTAAGGACCA  
GAA

50

OLCT4Cla (SEQ ID NO: 11):

55

5'- GATCATCGATTATTTATTTAACATGCACTTATCCTATCATTGATGAAT  
TGA

[0086] Les fragments d'ADN obtenus par PCR ont été ensuite purifiés, digérés par les enzymes NsiI et ClaI, et clonés dans le plasmide CMV-GALV ouvert aux sites NsiI et ClaI. Les quatre plasmides résultants codent pour les enveloppes dénommées GALV-CT1, GALV-CT2, GALV-CT3 et CMV-GALV-CT4. Les plasmides FBASALF (Cosset et al., J. Virol. 69 (1995) 7430) et FBARlessSALF (Lavillette et al., J. Virol. 1998, In press) codent pour des enveloppes amphotropes, non fusogéniques (enveloppe A) et fusogéniques (enveloppe Arless), respectivement. Ces plasmides sont utilisés comme contrôles négatifs et positifs dans les tests de syncytium.

## 1.2 Cellules et tests de fusion.

[0087] Les cellules humaines TE671 sont issues d'un rhabdomyosarcome humain (ATCC CRL8805), et les cellules NIH-3T3 sont des fibroblastes de souris.

[0088] Les tests de fusions sont réalisés comme publié antérieurement (Lavillette et al., 1998). Les cellules TE671 ensemencées à  $5 \times 10^6$  cellules dans des boîtes de 35 mm de diamètre sont transfectées avec 2pg des divers plasmides par la technique de phosphate de calcium. 48 hrs post-transfection, les cellules sont trypsinées et ré-ensemencées dans des boîtes de 35 mm de diamètre à une densité de  $2 \times 10^6$  cellules par boîte. Après adhésion de ces cellules productrices de glycoprotéines d'enveloppes, des cellules indicatrices (soit TE671, soit 3T3) sont ajoutées, à une densité de  $2 \times 10^6$  cellules par boîte. Les cocultures sont alors maintenues pendant 24-48 hrs et les syncytium sont comptés après fixation au May-Grunwald-Giemsa.

[0089] Les résultats obtenus sont présentés dans le tableau 1 ci-dessous :

Tableau 1

Enveloppes <sup>a</sup>	Fusogénicité (Syncytia) <sup>b</sup>	
	3T3	TE671
-	-	-
A	-	-
Arless	+	+
GALV-CT1	-	-
GALV-CT2	-	-
GALV-CT3	-	+/-
GALV-CT4	-	+

a : Enveloppe exprimée dans les TE671 transfectées.

b : Formation de syncytium dans les cocultures des cellules productrices d'enveloppes avec les 3T3 ou avec les TE671

## 1.3. Conclusions

[0090] Les résultats présentés dans le Tableau 1 ci-dessus montrent que l'enveloppe GALV de type sauvage, exprimée à partir d'une construction génétique constituée essentiellement de la séquence codante (i.e., jusqu'au codon stop en position 2004) présente un phénotype fusogénique important dans les cellules humaines (GALV-CT4). En revanche, de manière surprenante, l'enveloppe GALV codée par un vecteur d'expression dans lequel la séquence issue de GALV contient le gène env et une partie au moins de la région située entre ce gène et le LTR3' (ainsi que, le cas échéant, un morceau de LTR3') n'est pas fusogénique en test de syncytium (GALV-CT1, GALV-CT2). Quand on étend cette séquence à partir de l'extrémité 3' (enveloppe CT4 à CT1), on révèle donc progressivement un phénotype non-fusogénique. On en déduit qu'il existe, en 3' de la séquence publiée du gène env, une séquence qui contrôle négativement la fusogénicité de l'enveloppe. Cette fusogénicité semble être spécifique du résultat d'une interaction avec le récepteur du GALV (PiT-1) car seules les cellules PiT-1 positives (les TE671) sont capables de former des syncytia.

## Exemple 2 :

[0091] Constructions génétiques codant pour une enveloppe GALV non-fusogénique.

### 2.1. Constructions génétiques

. Plasmide pGALV-1

[0092] L'ADNc de l'enveloppe de GALV a été cloné par PCR à partir du vecteur d'expression pMOV GALV (Miller et

al., J. Virol. 65 (1991) 2220) dans le plasmide commercial pCI (Stratagène) aux sites Nhe1 et Xba1. L'ADNc cloné à une taille de 2004 paires de bases (nt 5552 (ATG du gène) au nt 7555 (codon stop)).  
Oligonucléotide 5' Nhe1 (SEQ ID NO: 12)

5

5'-GCTAGCATGGTATTGCTGCCTGGGTCCATGCTTCTCACCT-3'

Oligonucléotide 3' Xba1 (SEQ ID NO: 13)

10

5'-TCTAGATTAACATGCACTTATCCTATCATTG

15

. Plasmide pGALV-2

**[0093]** L'ADNc du gène de l'enveloppe GALV est obtenu par PCR, la partie 3' du gène est prolongée jusqu'au site Fst1 qui se situe dans le long terminal repeat (LTR). L'ADNc cloné dans le plasmide pC1 aux sites Nhe1-Xba1 a une taille de 2118 paires de bases (nt 5552 au nt 7670).

20

Oligonucléotide 5' Nhe1 (SEQ ID NO: 12)

5'-GCTAGCATGGTATTGCTGCCTGGGTCCATGCTTCTCACCT-3'

25

Oligonucleotide 3' Xba1 (SEQ ID NO: 14)

5'-TCTAGAAGTTGGCTAAAAAAAACACTTCTTTCATTCC-3'

30

. Plasmide témoin

35

**[0094]** Le plasmide pCMV-4070A est le plasmide pCI dans lequel est cloné dans les sites Nhe1-Xba1, l'ADNc du gène de l'enveloppe amphotrope 4070A (nt 37 au nt 2001, Ott et al. 1990).

## 2.2. Lignées cellulaires

40

**[0095]** La lignée cellulaire humaine H293 est une lignée cellulaire embryonnaire de rein (ATCC CRL-1573). Les cellules NIH-3T3 sont des fibroblastes de souris.

**[0096]** Les cellules TelCeb6 sont des cellules dérivées de la lignée humaine TE671 issues d'un rhabdomyosarcome humain (ATCC CRL 8805) (Cosset FL, Lyon).

45

## 2.3. Etude de fusogénicité

**[0097]** Les plasmides p-GALV-1 et p-GALV-2 ont été transfectés dans les cellules H293, NIH-3T3 et TelCeb6 par la méthode de phosphate de calcium.

50

**[0098]** 5pg de plasmides ont été transfectés dans chaque lignée cellulaire en boîte de petri de 60 mm. 24 h après la transfection le milieu est changé. La présence ou l'apparition de fusion cellulaire sont observées dans les 48 h à 72 h post transfection, selon la méthode décrite dans l'exemple 1.2. Les résultats obtenus sont présentés dans le Tableau 2 ci-dessous.

Tableau 2

55

Plasmides	fusogénicité sur NIH-3T3	Fusogénicité sur Telceb6	Fusogénicité sur H293
pas de plasmide	0	0	0

Tableau 2 (suite)

Plasmides	fusogénicité sur NIH-3T3	Fusogénicité sur Telceb6	Fusogénicité sur H293
pCMV-4070a	0	0	0
pGALV-1	0	++	++
pGALV-2	0	0	0

#### 2.4. Conclusion

[0099] Nous avons montré que l'enveloppe GALV (exprimée à partir du plasmide pGALV-1) pouvait entraîner une forte fusogénicité des cellules qui possèdent le récepteur PiT-1 du GALV (cellules Telceb6 et H293). Les résultats obtenus montrent que cette fusogénicité est abolie quand on prolonge la partie 3' de la séquence exprimée, notamment de 100 pb environ (pGALV2).

#### Exemple 3

[0100] Pour caractériser plus précisément les mécanismes de fusogénicité, un gène de l'enveloppe GALV a été cloné (plasmide pNp5000) et sa séquence a été réalisée et analysée. De manière surprenante, cette analyse a permis de mettre en évidence un domaine C-terminal étendu par rapport à la séquence décrite dans l'art antérieur. La séquence protéique de cette enveloppe, présentée sur la séquence SEQ ID NO:2, comprend en effet 685 résidus, et fait apparaître une extrémité C-terminale comprenant la séquence Val-Lys-Ile-Leu-Val-Leu-Arg-Gln-Lys-Tyr-Gln-Ala-Leu-Glu-Asn-Glu-Gly-Asn-Leu (SEQ ID NO:3). Plus particulièrement, le domaine intracytoplasmique de cette protéine d'enveloppe comprend la séquence Lys-Leu-Val-Gln-Phe-Ile-Asn-Asp-Arg-Ile-Ser-Ala-Val-Lys-Ile-Leu-Val-Leu-Arg-Gln-Lys-Tyr-Gln-Ala-Leu-Glu-Asn-Glu-Gly-Asn-Leu (SEQ ID NO:4). Une comparaison de la séquence du domaine intracytoplasmique de la protéine d'enveloppe déterminée ci-dessus avec la séquence SEQ ID NO:5 est représentée sur les figures 4 et 5.

[0101] Il est intéressant de noter que le domaine C-terminal identifié ci-dessus est absent des constructions GALV-CT4 et pGALV1, qui expriment une enveloppe GALV fusogénique (cf. Tableaux 1 et 2), alors que la séquence SEQ ID NO:1 (nt 1 à 2058) exprime une enveloppe non fusogénique. Ces résultats indiquent que l'intégrité de ce domaine est importante dans la manifestation des propriétés fusogéniques de l'enveloppe GALV. Ces résultats montrent aussi que la modification de la région C-terminale, notamment du domaine cytoplasmique, de la protéine GALV, permet de construire des protéines fusogéniques, utilisables comme agents toxiques.

[0102] Dans cette perspective, une comparaison de la séquence des domaines C-terminaux de différentes protéines d'enveloppe a été entreprise. Ainsi, la figure 6 montre l'alignement des séquences protéiques des domaines cytoplasmiques de plusieurs enveloppes de rétrovirus de type C. Cet alignement fait apparaître certaines homologies, comme notamment la présence d'un site consensus de clivage LVL. La présence de ces homologies suggère que l'altération des domaines cytoplasmiques des protéines d'enveloppe, notamment rétrovirales, permet de produire des protéines fusogéniques, comme dans le cas de l'enveloppe GALV.

#### Exemple 4

[0103] Constructions génétiques codant pour une enveloppe de type GALV chimérique.

##### 3.1. Construction du plasmide pGALV-3

[0104] La partie cytoplasmique du gène de l'enveloppe GALV (à partir du nt 7501 de la séquence SEQ ID NO 1 ou 5) a été remplacée par la partie cytoplasmique du gène de l'enveloppe du virus amphotrope 4070A (nt 1903 au nt 2001), SEQ ID NO: 6. L'ADNc cloné dans le plasmide pCI a donc une taille de 2061 paires de bases.

[0105] Cet ADN chimérique a été construit comme suit :

1) par PCR on a obtenu un fragment s'étendant de l'acide aminé 635 à l'acide aminé 667 de la séquence SEQ ID NO: 6.

2) on a remplacé les acides aminés 655 à 668 de la séquence SEQ ID NO: 5 ou 655 à 685 de la séquence SEQ ID NO: 2 par le fragment obtenu dans l'étape 1) ci-dessus.

3.2. Etude de fusogénicité

[0106] Les plasmides p-GALV-1 et p-GALV-3 ont été transfectés dans les cellules H293, NIH-3T3 et TelCeb6 par la méthode de phosphate de calcium. 5µg de plasmides ont été transfectés dans chaque lignée cellulaire en boîte de petri de 60 mm. 24 h après la transfection le milieu est changé. La présence ou l'apparition de fusion cellulaire sont observées dans les 48 h à 72 h post transfection, selon la méthode décrite dans l'exemple 1.2. Les résultats obtenus sont présentés dans le Tableau 3 ci-dessous.

Tableau 3

Plasmides	fusogénicité sur NIH-3T3	Fusogénicité sur Telceb6	Fusogénicité sur H293
pas de plasmide	0	0	0
pCMV-4070a	0	0	0
pGALV-1	0	++	++
pGALV-3	0	0	0

[0107] Ces résultats montrent de manière surprenante qu'une enveloppe chimérique, comprenant un domaine extracellulaire et transmembranaire fonctionnel de type GALV, et un domaine cytoplasmique hétérologue, est dépourvue de phénotype fusogénique, lorsqu'elle est exprimée dans une cellule humaine exprimant le récepteur PiT-1.

[0108] Ces résultats illustrent les propriétés avantageuses des méthodes et compositions selon la présente invention.

Annexe à la description

[0109]

5

## LISTE DE SEQUENCES

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

&lt;110&gt; UNIVERSITE PIERRE ET MARIE CURIE (PARIS VI)

&lt;120&gt; PROTEINES D'ENVELOPPE, METHODES ET UTILISATIONS

&lt;130&gt; B4124A - PB/KM

&lt;140&gt;

&lt;141&gt;

&lt;160&gt; 14

&lt;170&gt; PatentIn Ver. 2.1

&lt;210&gt; 1

&lt;211&gt; 2129

&lt;212&gt; ADN

&lt;213&gt; Séquence artificielle

&lt;220&gt;

<223> Description de la séquence artificielle: ENVELOPPE  
GALV

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1) .. (2058)

&lt;400&gt; 1

atg	gta	ttg	ctg	cct	ggg	tcc	atg	ctt	ctc	acc	tca	aac	ctg	cac	cac	48
Met	Val	Leu	Leu	Pro	Gly	Ser	Met	Leu	Leu	Thr	Ser	Asn	Leu	His	His	
1				5					10					15		

ctt	cgg	cac	cag	atg	agt	cct	ggg	agc	tgg	aaa	aga	ctg	atc	atc	ctc	96
Leu	Arg	His	Gln	Met	Ser	Pro	Gly	Ser	Trp	Lys	Arg	Leu	Ile	Ile	Leu	
			20					25					30			

tta	agc	tgc	gta	ttc	ggc	ggc	ggc	ggg	acg	agt	ctg	caa	aat	aag	aac	144
Leu	Ser	Cys	Val	Phe	Gly	Gly	Gly	Gly	Thr	Ser	Leu	Gln	Asn	Lys	Asn	
		35				40						45				

ccc	cac	cag	ccc	atg	acc	ctc	act	tgg	cag	gta	ctg	tcc	caa	act	gga	192
Pro	His	Gln	Pro	Met	Thr	Leu	Thr	Trp	Gln	Val	Leu	Ser	Gln	Thr	Gly	
		50				55					60					

gac	gtt	gtc	tgg	gat	aca	aag	gca	gtc	cag	ccc	cct	tgg	act	tgg	tgg	240
Asp	Val	Val	Trp	Asp	Thr	Lys	Ala	Val	Gln	Pro	Pro	Trp	Thr	Trp	Trp	
	65				70				75					80		

ccc	aca	ctt	aaa	cct	gat	gta	tgt	gcc	ttg	gcg	gct	agt	ctt	gag	tcc	288
Pro	Thr	Leu	Lys	Pro	Asp	Val	Cys	Ala	Leu	Ala	Ala	Ser	Leu	Glu	Ser	
			85					90					95			

tgg	gat	atc	ccg	gga	acc	gat	gtc	tcg	tcc	tct	aaa	cga	gtc	aga	cct	336
Trp	Asp	Ile	Pro	Gly	Thr	Asp	Val	Ser	Ser	Ser	Lys	Arg	Val	Arg	Pro	
		100					105						110			

ccg	gac	tca	gac	tat	act	gcc	gct	tat	aag	caa	atc	acc	tgg	gga	gcc	384
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----



EP 1 006 123 A2

	Pro Asp Ser Asp Tyr Thr Ala Ala Tyr Lys Gln Ile Thr Trp Gly Ala	
	115 120 125	
5	ata ggg tgc agc tac cct cgg gct agg act aga atg gca agc tct acc Ile Gly Cys Ser Tyr Pro Arg Ala Arg Thr Arg Met Ala Ser Ser Thr	432
	130 135 140	
10	ttc tac gta tgt ccc cgg gat ggc cgg acc ctt tca gaa gct aga agg Phe Tyr Val Cys Pro Arg Asp Gly Arg Thr Leu Ser Glu Ala Arg Arg	480
	145 150 155 160	
15	tgc ggg ggg cta gaa tcc cta tac tgt aaa gaa tgg gat tgt gag acc Cys Gly Gly Leu Glu Ser Leu Tyr Cys Lys Glu Trp Asp Cys Glu Thr	528
	165 170 175	
20	acg ggg acc ggt tat tgg cta tct aaa tcc tca aaa gac ctc ata act Thr Gly Thr Gly Tyr Trp Leu Ser Lys Ser Ser Lys Asp Leu Ile Thr	576
	180 185 190	
25	gta aaa tgg gac caa aat agc gaa tgg act caa aaa ttt caa cag tgt Val Lys Trp Asp Gln Asn Ser Glu Trp Thr Gln Lys Phe Gln Gln Cys	624
	195 200 205	
30	cac cag acc ggc tgg tgt aac ccc ctt aaa ata gat ttc aca gac aaa His Gln Thr Gly Trp Cys Asn Pro Leu Lys Ile Asp Phe Thr Asp Lys	672
	210 215 220	
35	gga aaa tta tcc aag gac tgg ata acg gga aaa acc tgg gga tta aga Gly Lys Leu Ser Lys Asp Trp Ile Thr Gly Lys Thr Trp Gly Leu Arg	720
	225 230 235 240	
40	ttc tat gtg tct gga cat cca ggc gta cag ttc acc att cgc tta aaa Phe Tyr Val Ser Gly His Pro Gly Val Gln Phe Thr Ile Arg Leu Lys	768
	245 250 255	
45	atc acc aac atg cca gct gtg gca gta ggt cct gac ctc gtc ctt gtg Ile Thr Asn Met Pro Ala Val Ala Val Gly Pro Asp Leu Val Leu Val	816
	260 265 270	
50	gaa caa gga cct cct aga acg tcc ctc gct ctc cca cct cct ctt ccc Glu Gln Gly Pro Pro Arg Thr Ser Leu Ala Leu Pro Pro Pro Leu Pro	864
	275 280 285	
55	cca agg gaa gcg cca ccg cca tct ctc ccc gac tct aac tcc aca gcc Pro Arg Glu Ala Pro Pro Pro Ser Leu Pro Asp Ser Asn Ser Thr Ala	912
	290 295 300	
60	ctg gcg act agt gca caa act ccc acg gtg aga aaa aca att gtt acc Leu Ala Thr Ser Ala Gln Thr Pro Thr Val Arg Lys Thr Ile Val Thr	960
	305 310 315 320	
65	cta aac act ccg cct ccc acc aca ggc gac aga ctt ttt gat ctt gtg Leu Asn Thr Pro Pro Pro Thr Thr Gly Asp Arg Leu Phe Asp Leu Val	1008
	325 330 335	
70	cag ggg gcc ttc cta acc tta aat gct acc aac cca ggg gcc act gag Gln Gly Ala Phe Leu Thr Leu Asn Ala Thr Asn Pro Gly Ala Thr Glu	1056
	340 345 350	

tct tgc tgg ctt tgt ttg gcc atg ggc ccc cct tat tat gaa gca ata 1104  
 Ser Cys Trp Leu Cys Leu Ala Met Gly Pro Pro Tyr Tyr Glu Ala Ile  
 355 360 365

5 gcc tca tca gga gag gtc gcc tac tcc acc gac ctt gac cgg tgc cgc 1152  
 Ala Ser Ser Gly Glu Val Ala Tyr Ser Thr Asp Leu Asp Arg Cys Arg  
 370 375 380

10 tgg ggg acc caa gga aag ctc acc ctc act gag gtc tca gga cac ggg 1200  
 Trp Gly Thr Gln Gly Lys Leu Thr Leu Thr Glu Val Ser Gly His Gly  
 385 390 395 400

15 ttg tgc ata gga aag gtg ccc ttt acc cat cag cat ctc tgc aat cag 1248  
 Leu Cys Ile Gly Lys Val Pro Phe Thr His Gln His Leu Cys Asn Gln  
 405 410 415

acc cta tcc atc aat tcc tcc gga gac cat cag tat ctg ctc ccc tcc 1296  
 Thr Leu Ser Ile Asn Ser Ser Gly Asp His Gln Tyr Leu Leu Pro Ser  
 420 425 430

20 aac cat agc tgg tgg gct tgc agc act ggc ctc acc cct tgc ctc tcc 1344  
 Asn His Ser Trp Trp Ala Cys Ser Thr Gly Leu Thr Pro Cys Leu Ser  
 435 440 445

25 acc tca gtt ttt aat cag act aga gat ttc tgt atc cag gtc cag ctg 1392  
 Thr Ser Val Phe Asn Gln Thr Arg Asp Phe Cys Ile Gln Val Gln Leu  
 450 455 460

30 att cct cgc atc tat tac tat cct gaa gaa gtt ttg tta cag gcc tat 1440  
 Ile Pro Arg Ile Tyr Tyr Tyr Pro Glu Glu Val Leu Leu Gln Ala Tyr  
 465 470 475 480

35 gac aat tct cac ccc agg act aaa aga gag gct gtc tca ctt acc cta 1488  
 Asp Asn Ser His Pro Arg Thr Lys Arg Glu Ala Val Ser Leu Thr Leu  
 485 490 495

gct gtt tta ctg ggg ttg gga atc acg gcg gga ata ggt act ggt tca 1536  
 Ala Val Leu Leu Gly Leu Gly Ile Thr Ala Gly Ile Gly Thr Gly Ser  
 500 505 510

40 act gcc tta att aaa gga cct ata gac ctc cag caa ggc ctg aca agc 1584  
 Thr Ala Leu Ile Lys Gly Pro Ile Asp Leu Gln Gln Gly Leu Thr Ser  
 515 520 525

45 ctc cag atc gcc ata gat gct gac ctc cgg gcc ctc caa gac tca gtc 1632  
 Leu Gln Ile Ala Ile Asp Ala Asp Leu Arg Ala Leu Gln Asp Ser Val  
 530 535 540

50 agc aag tta gag gac tca ctg act tcc ctg tcc gag gta gtg ctc caa 1680  
 Ser Lys Leu Glu Asp Ser Leu Thr Ser Leu Ser Glu Val Val Leu Gln  
 545 550 555 560

aat agg aga ggc ctt gac ttg ctg ttt cta aaa gaa ggt ggc ctc tgt 1728  
 Asn Arg Arg Gly Leu Asp Leu Leu Phe Leu Lys Glu Gly Gly Leu Cys  
 565 570 575

55 gcg gcc cta aag gaa gag tgc tgt ttt tac ata gac cac tca ggt gca 1776

Ala Ala Leu Lys Glu Glu Cys Cys Phe Tyr Ile Asp His Ser Gly Ala  
580 585 590

5 gta cgg gac tcc atg aaa aaa ctc aaa gaa aaa ctg gat aaa aga cag 1824  
Val Arg Asp Ser Met Lys Lys Leu Lys Glu Lys Leu Asp Lys Arg Gln  
595 600 605

10 tta gag cgc cag aaa agc caa aac tgg tat gaa gga tgg ttc aat aac 1872  
Leu Glu Arg Gln Lys Ser Gln Asn Trp Tyr Glu Gly Trp Phe Asn Asn  
610 615 620

tcc cct tgg ttc act acc ctg cta tca acc atc gct ggg ccc cta tta 1920  
Ser Pro Trp Phe Thr Thr Leu Leu Ser Thr Ile Ala Gly Pro Leu Leu  
15 625 630 635 640

ctc ctc ctt ctg ttg ctc atc ctc ggg cca tgc atc atc aat aag tta 1968  
Leu Leu Leu Leu Leu Leu Ile Leu Gly Pro Cys Ile Ile Asn Lys Leu  
645 650 655

20 gtt caa ttc atc aat gat agg ata agt gca gtt aaa att ctg gtc ctt 2016  
Val Gln Phe Ile Asn Asp Arg Ile Ser Ala Val Lys Ile Leu Val Leu  
660 665 670

aga caa aaa tat cag gcc cta gag aac gaa ggt aac ctt taa 2058  
25 Arg Gln Lys Tyr Gln Ala Leu Glu Asn Glu Gly Asn Leu  
675 680 685

ttttgctcta agattagagc tattcacaag agaaatgggg gaatgaaaga agtggtttttt 2118

30 ttttagccaac t 2129

<210> 2  
<211> 685  
<212>  
35 <213> Séquence artificielle  
<223> Description de la séquence artificielle: ENVELOPPE  
GALV

<400> 2  
40 Met Val Leu Leu Pro Gly Ser Met Leu Leu Thr Ser Asn Leu His His  
1 5 10 15

Leu Arg His Gln Met Ser Pro Gly Ser Trp Lys Arg Leu Ile Ile Leu  
20 25 30

45 Leu Ser Cys Val Phe Gly Gly Gly Gly Thr Ser Leu Gln Asn Lys Asn  
35 40 45

Pro His Gln Pro Met Thr Leu Thr Trp Gln Val Leu Ser Gln Thr Gly  
50 55 60

50 Asp Val Val Trp Asp Thr Lys Ala Val Gln Pro Pro Trp Thr Trp Trp  
65 70 75 80

Pro Thr Leu Lys Pro Asp Val Cys Ala Leu Ala Ala Ser Leu Glu Ser  
55 85 90 95

EP 1 006 123 A2

Trp Asp Ile Pro Gly Thr Asp Val Ser Ser Ser Lys Arg Val Arg Pro  
100 105 110

5 Pro Asp Ser Asp Tyr Thr Ala Ala Tyr Lys Gln Ile Thr Trp Gly Ala  
115 120 125

Ile Gly Cys Ser Tyr Pro Arg Ala Arg Thr Arg Met Ala Ser Ser Thr  
130 135 140

10 Phe Tyr Val Cys Pro Arg Asp Gly Arg Thr Leu Ser Glu Ala Arg Arg  
145 150 155 160

Cys Gly Gly Leu Glu Ser Leu Tyr Cys Lys Glu Trp Asp Cys Glu Thr  
165 170 175

15 Thr Gly Thr Gly Tyr Trp Leu Ser Lys Ser Ser Lys Asp Leu Ile Thr  
180 185 190

Val Lys Trp Asp Gln Asn Ser Glu Trp Thr Gln Lys Phe Gln Gln Cys  
195 200 205

20 His Gln Thr Gly Trp Cys Asn Pro Leu Lys Ile Asp Phe Thr Asp Lys  
210 215 220

Gly Lys Leu Ser Lys Asp Trp Ile Thr Gly Lys Thr Trp Gly Leu Arg  
225 230 235 240

25 Phe Tyr Val Ser Gly His Pro Gly Val Gln Phe Thr Ile Arg Leu Lys  
245 250 255

Ile Thr Asn Met Pro Ala Val Ala Val Gly Pro Asp Leu Val Leu Val  
260 265 270

Glu Gln Gly Pro Pro Arg Thr Ser Leu Ala Leu Pro Pro Pro Leu Pro  
275 280 285

35 Pro Arg Glu Ala Pro Pro Pro Ser Leu Pro Asp Ser Asn Ser Thr Ala  
290 295 300

Leu Ala Thr Ser Ala Gln Thr Pro Thr Val Arg Lys Thr Ile Val Thr  
305 310 315 320

40 Leu Asn Thr Pro Pro Pro Thr Thr Gly Asp Arg Leu Phe Asp Leu Val  
325 330 335

Gln Gly Ala Phe Leu Thr Leu Asn Ala Thr Asn Pro Gly Ala Thr Glu  
340 345 350

45 Ser Cys Trp Leu Cys Leu Ala Met Gly Pro Pro Tyr Tyr Glu Ala Ile  
355 360 365

Ala Ser Ser Gly Glu Val Ala Tyr Ser Thr Asp Leu Asp Arg Cys Arg  
370 375 380

50 Trp Gly Thr Gln Gly Lys Leu Thr Leu Thr Glu Val Ser Gly His Gly  
385 390 395 400

55 Leu Cys Ile Gly Lys Val Pro Phe Thr His Gln His Leu Cys Asn Gln

EP 1 006 123 A2

	405	410	415
5	Thr Leu Ser Ile Asn Ser Ser Gly Asp His Gln Tyr Leu Leu Pro Ser 420 425 430		
	Asn His Ser Trp Trp Ala Cys Ser Thr Gly Leu Thr Pro Cys Leu Ser 435 440 445		
10	Thr Ser Val Phe Asn Gln Thr Arg Asp Phe Cys Ile Gln Val Gln Leu 450 455 460		
	Ile Pro Arg Ile Tyr Tyr Tyr Pro Glu Glu Val Leu Leu Gln Ala Tyr 465 470 475 480		
15	Asp Asn Ser His Pro Arg Thr Lys Arg Glu Ala Val Ser Leu Thr Leu 485 490 495		
	Ala Val Leu Leu Gly Leu Gly Ile Thr Ala Gly Ile Gly Thr Gly Ser 500 505 510		
20	Thr Ala Leu Ile Lys Gly Pro Ile Asp Leu Gln Gln Gly Leu Thr Ser 515 520 525		
	Leu Gln Ile Ala Ile Asp Ala Asp Leu Arg Ala Leu Gln Asp Ser Val 530 535 540		
25	Ser Lys Leu Glu Asp Ser Leu Thr Ser Leu Ser Glu Val Val Leu Gln 545 550 555 560		
	Asn Arg Arg Gly Leu Asp Leu Leu Phe Leu Lys Glu Gly Gly Leu Cys 565 570 575		
30	Ala Ala Leu Lys Glu Glu Cys Cys Phe Tyr Ile Asp His Ser Gly Ala 580 585 590		
	Val Arg Asp Ser Met Lys Lys Leu Lys Glu Lys Leu Asp Lys Arg Gln 595 600 605		
	Leu Glu Arg Gln Lys Ser Gln Asn Trp Tyr Glu Gly Trp Phe Asn Asn 610 615 620		
40	Ser Pro Trp Phe Thr Thr Leu Leu Ser Thr Ile Ala Gly Pro Leu Leu 625 630 635 640		
	Leu Leu Leu Leu Leu Leu Ile Leu Gly Pro Cys Ile Ile Asn Lys Leu 645 650 655		
45	Val Gln Phe Ile Asn Asp Arg Ile Ser Ala Val Lys Ile Leu Val Leu 660 665 670		
	Arg Gln Lys Tyr Gln Ala Leu Glu Asn Glu Gly Asn Leu 675 680 685		
50			
	<210> 3		
	<211> 19		
	<212> PRT		
55	<213> Séquence artificielle		

<220>  
 <223> Description de la séquence artificielle: Extrémité  
 C-terminale enveloppe GALV  
 5  
 <400> 3  
 Val Lys Ile Leu Val Leu Arg Gln Lys Tyr Gln Ala Leu Glu Asn Glu  
 1 5 10 15  
 10 Gly Asn Leu  
 <210> 4  
 <211> 31  
 <212> PRT  
 15 <213> Séquence artificielle  
 <220>  
 <223> Description de la séquence artificielle: Domaine  
 cytoplasmique enveloppe GALV  
 20  
 <400> 4  
 Lys Leu Val Gln Phe Ile Asn Asp Arg Ile Ser Ala Val Lys Ile Leu  
 5 10 15  
 25 Val Leu Arg Gln Lys Tyr Gln Ala Leu Glu Asn Glu Gly Asn Leu  
 20 25 30  
 <210> 5  
 <211> 2129  
 <212> ADN  
 30 <213> Séquence artificielle  
 <220>  
 <223> Description de la séquence artificielle: Enveloppe  
 GALV  
 35  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(2004)  
 40  
 <400> 5  
 atg gta ttg ctg cct ggg tcc atg ctt ctc acc tca aac ctg cac cac 48  
 Met Val Leu Leu Pro Gly Ser Met Leu Leu Thr Ser Asn Leu His His  
 1 5 10 15  
 45 ctt cgg cac cag atg agt cct ggg agc tgg aaa aga ctg atc atc ctc 96  
 Leu Arg His Gln Met Ser Pro Gly Ser Trp Lys Arg Leu Ile Ile Leu  
 20 25 30  
 50 tta agc tgc gta ttc ggc ggc ggc ggc acg agt ctg caa aat aag aac 144  
 Leu Ser Cys Val Phe Gly Gly Gly Gly Thr Ser Leu Gln Asn Lys Asn  
 35 40 45  
 ccc cac cag ccc atg acc ctc act tgg cag gta ctg tcc caa act gga 192  
 Pro His Gln Pro Met Thr Leu Thr Trp Gln Val Leu Ser Gln Thr Gly  
 55 50 55 60

EP 1 006 123 A2

5	gac gtt gtc tgg gat aca aag gca gtc cag ccc cct tgg act tgg tgg Asp Val Val Trp Asp Thr Lys Ala Val Gln Pro Pro Trp Thr Trp Trp 65 70 75 80	240
10	ccc aca ctt aaa cct gat gta tgt gcc ttg gcg gct agt ctt gag tcc Pro Thr Leu Lys Pro Asp Val Cys Ala Leu Ala Ala Ser Leu Glu Ser 85 90 95	288
15	tgg gat atc ccg gga acc gat gtc tgc tcc tct aaa cga gtc aga cct Trp Asp Ile Pro Gly Thr Asp Val Ser Ser Ser Lys Arg Val Arg Pro 100 105 110	336
20	ccg gac tca gac tat act gcc gct tat aag caa atc acc tgg gga gcc Pro Asp Ser Asp Tyr Thr Ala Ala Tyr Lys Gln Ile Thr Trp Gly Ala 115 120 125	384
25	ata ggg tgc agc tac cct cgg gct agg act aga atg gca agc tct acc Ile Gly Cys Ser Tyr Pro Arg Ala Arg Thr Arg Met Ala Ser Ser Thr 130 135 140	432
30	ttc tac gta tgt ccc cgg gat ggc cgg acc ctt tca gaa gct aga agg Phe Tyr Val Cys Pro Arg Asp Gly Arg Thr Leu Ser Glu Ala Arg Arg 145 150 155 160	480
35	tgc ggg ggg cta gaa tcc cta tac tgt aaa gaa tgg gat tgt gag acc Cys Gly Gly Leu Glu Ser Leu Tyr Cys Lys Glu Trp Asp Cys Glu Thr 165 170 175	528
40	acg ggg acc ggt tat tgg cta tct aaa tcc tca aaa gac ctc ata act Thr Gly Thr Gly Tyr Trp Leu Ser Lys Ser Ser Lys Asp Leu Ile Thr 180 185 190	576
45	gta aaa tgg gac caa aat agc gaa tgg act caa aaa ttt caa cag tgt Val Lys Trp Asp Gln Asn Ser Glu Trp Thr Gln Lys Phe Gln Gln Cys 195 200 205	624
50	cac cag acc ggc tgg tgt aac ccc ctt aaa ata gat ttc aca gac aaa His Gln Thr Gly Trp Cys Asn Pro Leu Lys Ile Asp Phe Thr Asp Lys 210 215 220	672
55	gga aaa tta tcc aag gac tgg ata acg gga aaa acc tgg gga tta aga Gly Lys Leu Ser Lys Asp Trp Ile Thr Gly Lys Thr Trp Gly Leu Arg 225 230 235 240	720
60	ttc tat gtg tct gga cat cca ggc gta cag ttc acc att cgc tta aaa Phe Tyr Val Ser Gly His Pro Gly Val Gln Phe Thr Ile Arg Leu Lys 245 250 255	768
65	atc acc aac atg cca gct gtg gca gta ggt cct gac ctc gtc ctt gtg Ile Thr Asn Met Pro Ala Val Ala Val Gly Pro Asp Leu Val Leu Val 260 265 270	816
70	gaa caa gga cct cct aga acg tcc ctc gct ctc cca cct cct ctt ccc Glu Gln Gly Pro Pro Arg Thr Ser Leu Ala Leu Pro Pro Pro Leu Pro 275 280 285	864
75	cca agg gaa gcg cca ccg cca tct ctc ccc gac tct aac tcc aca gcc	912

EP 1 006 123 A2

	Pro Arg Glu Ala Pro Pro Pro Ser Leu Pro Asp Ser Asn Ser Thr Ala	
	290 295 300	
5	ctg gcg act agt gca caa act ccc acg gtg aga aaa aca att gtt acc Leu Ala Thr Ser Ala Gln Thr Pro Thr Val Arg Lys Thr Ile Val Thr	960
	305 310 315 320	
10	cta aac act ccg cct ccc acc aca ggc gac aga ctt ttt gat ctt gtg Leu Asn Thr Pro Pro Pro Thr Thr Gly Asp Arg Leu Phe Asp Leu Val	1008
	325 330 335	
15	cag ggg gcc ttc cta acc tta aat gct acc aac cca ggg gcc act gag Gln Gly Ala Phe Leu Thr Leu Asn Ala Thr Asn Pro Gly Ala Thr Glu	1056
	340 345 350	
20	tct tgc tgg ctt tgt ttg gcc atg ggc ccc cct tat tat gaa gca ata Ser Cys Trp Leu Cys Leu Ala Met Gly Pro Pro Tyr Tyr Glu Ala Ile	1104
	355 360 365	
25	gcc tca tca gga gag gtc gcc tac tcc acc gac ctt gac cgg tgc cgc Ala Ser Ser Gly Glu Val Ala Tyr Ser Thr Asp Leu Asp Arg Cys Arg	1152
	370 375 380	
30	tgg ggg acc caa gga aag ctc acc ctc act gag gtc tca gga cac ggg Trp Gly Thr Gln Gly Lys Leu Thr Leu Thr Glu Val Ser Gly His Gly	1200
	385 390 395 400	
35	ttg tgc ata gga aag gtg ccc ttt acc cat cag cat ctc tgc aat cag Leu Cys Ile Gly Lys Val Pro Phe Thr His Gln His Leu Cys Asn Gln	1248
	405 410 415	
40	acc cta tcc atc aat tcc tcc gga gac cat cag tat ctg ctc ccc tcc Thr Leu Ser Ile Asn Ser Ser Gly Asp His Gln Tyr Leu Leu Pro Ser	1296
	420 425 430	
45	aac cat agc tgg tgg gct tgc agc act ggc ctc acc cct tgc ctc tcc Asn His Ser Trp Trp Ala Cys Ser Thr Gly Leu Thr Pro Cys Leu Ser	1344
	435 440 445	
50	acc tca gtt ttt aat cag act aga gat ttc tgt atc cag gtc cag ctg Thr Ser Val Phe Asn Gln Thr Arg Asp Phe Cys Ile Gln Val Gln Leu	1392
	450 455 460	
55	att cct cgc atc tat tac tat cct gaa gaa gtt ttg tta cag gcc tat Ile Pro Arg Ile Tyr Tyr Tyr Pro Glu Glu Val Leu Leu Gln Ala Tyr	1440
	465 470 475 480	
60	gac aat tct cac ccc agg act aaa aga gag gct gtc tca ctt acc cta Asp Asn Ser His Pro Arg Thr Lys Arg Glu Ala Val Ser Leu Thr Leu	1488
	485 490 495	
65	gct gtt tta ctg ggg ttg gga atc acg gcg gga ata ggt act ggt tca Ala Val Leu Leu Gly Leu Gly Ile Thr Ala Gly Ile Gly Thr Gly Ser	1536
	500 505 510	
70	act gcc tta att aaa gga cct ata gac ctc cag caa ggc ctg aca agc Thr Ala Leu Ile Lys Gly Pro Ile Asp Leu Gln Gln Gly Leu Thr Ser	1584
	515 520 525	



EP 1 006 123 A2

ctc cag atc gcc ata gat gct gac ctc cgg gcc ctc caa gac tca gtc 1632  
 Leu Gln Ile Ala Ile Asp Ala Asp Leu Arg Ala Leu Gln Asp Ser Val  
 530 535 540

5 agc aag tta gag gac tca ctg act tcc ctg tcc gag gta gtg ctc caa 1680  
 Ser Lys Leu Glu Asp Ser Leu Thr Ser Leu Ser Glu Val Val Leu Gln  
 545 550 555 560

10 aat agg aga ggc ctt gac ttg ctg ttt cta aaa gaa ggt ggc ctc tgt 1728  
 Asn Arg Arg Gly Leu Asp Leu Leu Phe Leu Lys Glu Gly Gly Leu Cys  
 565 570 575

15 gcg gcc cta aag gaa gag tgc tgt ttt tac ata gac cac tca ggt gca 1776  
 Ala Ala Leu Lys Glu Glu Cys Cys Phe Tyr Ile Asp His Ser Gly Ala  
 580 585 590

20 gta cgg gac tcc atg aaa aaa ctc aaa gaa aaa ctg gat aaa aga cag 1824  
 Val Arg Asp Ser Met Lys Lys Leu Lys Glu Lys Leu Asp Lys Arg Gln  
 595 600 605

25 tta gag cgc cag aaa agc caa aac tgg tat gaa gga tgg ttc aat aac 1872  
 Leu Glu Arg Gln Lys Ser Gln Asn Trp Tyr Glu Gly Trp Phe Asn Asn  
 610 615 620

30 tcc cct tgg ttc act acc ctg cta tca acc atc gct ggg ccc cta tta 1920  
 Ser Pro Trp Phe Thr Thr Leu Leu Ser Thr Ile Ala Gly Pro Leu Leu  
 625 630 635 640

35 ctc ctc ctt ctg ttg ctc atc ctc ggg cca tgc atc atc aat aag tta 1968  
 Leu Leu Leu Leu Leu Leu Ile Leu Gly Pro Cys Ile Ile Asn Lys Leu  
 645 650 655

ggt caa ttc atc aat gat agg ata agt gca tgt taa aattctggtc 2014  
 Val Gln Phe Ile Asn Asp Arg Ile Ser Ala Cys  
 660 665

40 cttagacaaa atatcaggcc ctagagaacg aaggtaacct ttaattttgc tctaagatta 2074  
 gagctattca caagagaaat gggggaatga aagaagtgtt ttttttttagc caact 2129

45 <210> 6  
 <211> 2001  
 <212> ADN  
 <213> Séquence artificielle

50 <220>  
 <223> Description de la séquence artificielle: Enveloppe  
 Amphotrope 4070A

55 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1) .. (2001)

<400> 6

ggc cga cac cca gag tgg acc atc ctc tgg acg gac atg gcg cgt tca 48  
 Gly Arg His Pro Glu Trp Thr Ile Leu Trp Thr Asp Met Ala Arg Ser  
 1 5 10 15

5 acg ctc tca aaa ccc cct caa gat aag att aac ccg tgg aag ccc tta 96  
 Thr Leu Ser Lys Pro Pro Gln Asp Lys Ile Asn Pro Trp Lys Pro Leu  
 20 25 30

10 ata gtc atg gga gtc ctg tta gga gta ggg atg gca gag agc ccc cat 144  
 Ile Val Met Gly Val Leu Leu Gly Val Gly Met Ala Glu Ser Pro His  
 35 40 45

15 cag gtc ttt aat gta acc tgg aga gtc acc aac ctg atg act ggg cgt 192  
 Gln Val Phe Asn Val Thr Trp Arg Val Thr Asn Leu Met Thr Gly Arg  
 50 55 60

acc gcc aat gcc acc tcc ctc ctg gga act gta caa gat gcc ttc cca 240  
 Thr Ala Asn Ala Thr Ser Leu Leu Gly Thr Val Gln Asp Ala Phe Pro  
 65 70 75 80

20 aaa tta tat ttt gat cta tgt gat ctg gtc gga gag gag tgg gac cct 288  
 Lys Leu Tyr Phe Asp Leu Cys Asp Leu Val Gly Glu Glu Trp Asp Pro  
 85 90 95

25 tca gac cag gaa ccg tat gtc ggg tat ggc tgc aag tac ccc gca ggg 336  
 Ser Asp Gln Glu Pro Tyr Val Gly Tyr Gly Cys Lys Tyr Pro Ala Gly  
 100 105 110

30 aga cag cgg acc cgg act ttt gac ttt tac gtg tgc cct ggg cat acc 384  
 Arg Gln Arg Thr Arg Thr Phe Asp Phe Tyr Val Cys Pro Gly His Thr  
 115 120 125

gta aag tcg ggg tgt ggg gga cca gga gag ggc tac tgt ggt aaa tgg 432  
 Val Lys Ser Gly Cys Gly Gly Pro Gly Glu Gly Tyr Cys Gly Lys Trp  
 130 135 140

35 ggg tgt gaa acc acc gga cag gct tac tgg aag ccc aca tca tcg tgg 480  
 Gly Cys Glu Thr Thr Gly Gln Ala Tyr Trp Lys Pro Thr Ser Ser Trp  
 145 150 155 160

40 gac cta atc tcc ctt aag cgc ggt aac acc ccc tgg gac acg gga tgc 528  
 Asp Leu Ile Ser Leu Lys Arg Gly Asn Thr Pro Trp Asp Thr Gly Cys  
 165 170 175

45 tct aaa gtt gcc tgt ggc ccc tgc tac gac ctc tcc aaa gta tcc aat 576  
 Ser Lys Val Ala Cys Gly Pro Cys Tyr Asp Leu Ser Lys Val Ser Asn  
 180 185 190

tcc ttc caa ggg gct act cga ggg ggc aga tgc aac cct cta gtc cta 624  
 Ser Phe Gln Gly Ala Thr Arg Gly Gly Arg Cys Asn Pro Leu Val Leu  
 195 200 205

50 gaa ttc act gat gca gga aaa aag gct aac tgg gac ggg ccc aaa tcg 672  
 Glu Phe Thr Asp Ala Gly Lys Lys Ala Asn Trp Asp Gly Pro Lys Ser  
 210 215 220

55 tgg gga ctg aga ctg tac cgg aca gga aca gat cct att acc atg ttc 720  
 Trp Gly Leu Arg Leu Tyr Arg Thr Gly Thr Asp Pro Ile Thr Met Phe

EP 1 006 123 A2

	225	230	235	240	
5	tcc ctg acc cgg cag gtc ctt aat gtg gga ccc cga gtc ccc ata ggg Ser Leu Thr Arg Gln Val Leu Asn Val Gly Pro Arg Val Pro Ile Gly	245	250	255	768
10	ccc aac cca gta tta ccc gac caa aga ctc cct tcc tca cca ata gag Pro Asn Pro Val Leu Pro Asp Gln Arg Leu Pro Ser Ser Pro Ile Glu	260	265	270	816
15	att gta ccg gct cca cag cca cct agc ccc ctc aat acc agt tac ccc Ile Val Pro Ala Pro Gln Pro Pro Ser Pro Leu Asn Thr Ser Tyr Pro	275	280	285	864
20	cct tcc act acc agt aca ccc tca acc tcc cct aca agt cca agt gtc Pro Ser Thr Thr Ser Thr Pro Ser Thr Ser Pro Thr Ser Pro Ser Val	290	295	300	912
25	cca cag cca ccc cca gga act gga gat aga cta cta gct cta gtc aaa Pro Gln Pro Pro Pro Gly Thr Gly Asp Arg Leu Leu Ala Leu Val Lys	305	310	315	960
30	gga gcc tat cag gcg ctt aac ctc acc aat ccc gac aag acc caa gaa Gly Ala Tyr Gln Ala Leu Asn Leu Thr Asn Pro Asp Lys Thr Gln Glu	325	330	335	1008
35	tgt tgg ctg tgc tta gtg tgc gga cct cct tat tac gaa gga gta gcg Cys Trp Leu Cys Leu Val Ser Gly Pro Pro Tyr Tyr Glu Gly Val Ala	340	345	350	1056
40	gtc gtg ggc act tat acc aat cat tcc acc gct ccg gcc aac tgt acg Val Val Gly Thr Tyr Thr Asn His Ser Thr Ala Pro Ala Asn Cys Thr	355	360	365	1104
45	gcc act tcc caa cat aag ctt acc cta tct gaa gtg aca gga cag ggc Ala Thr Ser Gln His Lys Leu Thr Leu Ser Glu Val Thr Gly Gln Gly	370	375	380	1152
50	cta tgc atg ggg gca gta cct aaa act cac cag gcc tta tgt aac acc Leu Cys Met Gly Ala Val Pro Lys Thr His Gln Ala Leu Cys Asn Thr	385	390	395	1200
55	acc caa agc gcc ggc tca gga tcc tac tac ctt gca gca ccc gcc gga Thr Gln Ser Ala Gly Ser Gly Ser Tyr Tyr Leu Ala Ala Pro Ala Gly	405	410	415	1248
60	aca atg tgg gct tgc agc act gga ttg act ccc tgc ttg tcc acc acg Thr Met Trp Ala Cys Ser Thr Gly Leu Thr Pro Cys Leu Ser Thr Thr	420	425	430	1296
65	gtg ctc aat cta acc aca gat tat tgt gta tta gtt gaa ctc tgg ccc Val Leu Asn Leu Thr Thr Asp Tyr Cys Val Leu Val Glu Leu Trp Pro	435	440	445	1344
70	aga gta att tac cac tcc ccc gat tat atg tat ggt cag ctt gaa cag Arg Val Ile Tyr His Ser Pro Asp Tyr Met Tyr Gly Gln Leu Glu Gln	450	455	460	1392

EP 1 006 123 A2

	cgt acc aaa tat aaa aga gag cca gta tca ttg acc ctg gcc ctt cta	1440
	Arg Thr Lys Tyr Lys Arg Glu Pro Val Ser Leu Thr Leu Ala Leu Leu	
	465 470 475 480	
5	cta gga gga tta acc atg gga ggg att gca gct gga ata ggg acg ggg	1488
	Leu Gly Gly Leu Thr Met Gly Gly Ile Ala Ala Gly Ile Gly Thr Gly	
	485 490 495	
10	acc act gcc tta att aaa acc cag cag ttt gag cag ctt cat gcc gct	1536
	Thr Thr Ala Leu Ile Lys Thr Gln Gln Phe Glu Gln Leu His Ala Ala	
	500 505 510	
15	atc cag aca gac ctc aac gaa gtc gaa aag tca att acc aac cta gaa	1584
	Ile Gln Thr Asp Leu Asn Glu Val Glu Lys Ser Ile Thr Asn Leu Glu	
	515 520 525	
20	aag tca ctg acc tcg ttg tct gaa gta gtc cta cag aac cgc aga ggc	1632
	Lys Ser Leu Thr Ser Leu Ser Glu Val Val Leu Gln Asn Arg Arg Gly	
	530 535 540	
25	cta gat ttg cta ttc cta aag gag gga ggt ctc tgc gca gcc cta aaa	1680
	Leu Asp Leu Leu Phe Leu Lys Glu Gly Gly Leu Cys Ala Ala Leu Lys	
	545 550 555 560	
30	gaa gaa tgt tgt ttt tat gca gac cac acg ggg cta gtg aga gac agc	1728
	Glu Glu Cys Cys Phe Tyr Ala Asp His Thr Gly Leu Val Arg Asp Ser	
	565 570 575	
35	atg gcc aaa tta aga gaa agg ctt aat cag aga caa aaa cta ttt gag	1776
	Met Ala Lys Leu Arg Glu Arg Leu Asn Gln Arg Gln Lys Leu Phe Glu	
	580 585 590	
40	aca ggc caa gga tgg ttc gaa ggg ctg ttt aat aga tcc ccc tgg ttt	1824
	Thr Gly Gln Gly Trp Phe Glu Gly Leu Phe Asn Arg Ser Pro Trp Phe	
	595 600 605	
45	acc acc tta atc tcc acc atc atg gga cct cta ata gta ctc tta ctg	1872
	Thr Thr Leu Ile Ser Thr Ile Met Gly Pro Leu Ile Val Leu Leu Leu	
	610 615 620	
50	atc tta ctc ttt gga cct tgc att ctc aat cga ttg gtc caa ttt gtt	1920
	Ile Leu Leu Phe Gly Pro Cys Ile Leu Asn Arg Leu Val Gln Phe Val	
	625 630 635 640	
55	aaa gac agg atc tca gtg gtc cag gct ctg gtt ttg act cag caa tat	1968
	Lys Asp Arg Ile Ser Val Val Gln Ala Leu Val Leu Thr Gln Gln Tyr	
	645 650 655	
60	cac cag cta aaa ccc ata gag tac gag cca tga	2001
	His Gln Leu Lys Pro Ile Glu Tyr Glu Pro	
	660 665	
65	<210> 7	
	<211> 32	
	<212> ADN	

<213> Séquence artificielle

<220>

5 <223> Description de la séquence artificielle:  
Oligonucleotide OUGalv5'Nsi

<400> 7  
gagcgccaga aaagccaaaa ctggtatgaa gg 32

10

<210> 8  
<211> 50  
<212> ADN  
15 <213> Séquence artificielle

<220>

<223> Description de la séquence artificielle:  
Oligonucleotide OLCT 1Cla

20 <400> 8  
gatcatcgat tatttattta cacttctttc attcccccatttctcttg 50

25 <210> 9  
<211> 48  
<212> ADN  
<213> Séquence artificielle

30 <220>

<223> Description de la séquence artificielle:  
Oligonucleotide OLCT 2Cla

35 <400> 9  
gatcatcgat tatttattta aaggttacct tcgttctcta gggcctga 48

40 <210> 10  
<211> 51  
<212> ADN  
<213> Séquence artificielle

45 <220>

<223> Description de la séquence artificielle:  
Oligonucleotide OLCT3Cla

50 <400> 10  
gatcatcgat tatttattta tagggcctga tatttctgt aaggaccaga a 51

55 <210> 11  
<211> 51  
<212> ADN  
<213> Séquence artificielle

<220>

<223> Description de la séquence artificielle:  
Oligonucleotide OLCT4Cla

5  
 10  
 15  
 20  
 25  
 30  
 35  
 40  
 45

<400> 11  
 gatcatcgat tatttattta acatgcactt atcctatcat tgatgaattg a 51  
  
 <210> 12  
 <211> 40  
 <212> ADN  
 <213> Séquence artificielle  
  
 <220>  
 <223> Description de la séquence artificielle:  
 Oligonucleotide 5' NheI  
  
 <400> 12 40  
 gctagcatgg tattgctgcc tgggtccatg cttctcacct  
  
 <210> 13  
 <211> 31  
 <212> ADN  
 <213> Séquence artificielle  
  
 <220>  
 <223> Description de la séquence artificielle:  
 Oligonucleotide 3' XbaI  
  
 <400> 13 31  
 tctagattaa catgcactta tcctatcatt g  
  
 <210> 14  
 <211> 38  
 <212> ADN  
 <213> Séquence artificielle  
  
 <220>  
 <223> Description de la séquence artificielle:  
 Oligonucleotide 3' XbaI  
  
 <400> 14 38  
 tctagaagtt ggctaaaaaa aaacacttct ttcattcc

#### Revendications

- 50
1. Protéine d'enveloppe chimérique caractérisée en ce qu'elle comprend au moins une partie du domaine extracellulaire de l'enveloppe du virus GALV ou d'un variant fonctionnel de celui-ci.
  2. Protéine d'enveloppe chimérique selon la revendication 1, caractérisée en ce qu'elle comprend au moins une partie du domaine extracellulaire et du domaine transmembranaire de l'enveloppe du virus GALV.
  3. Protéine d'enveloppe chimérique selon la revendication 1 ou 2, caractérisée en ce qu'elle comprend un domaine cytoplasmique d'une enveloppe hétérologue.
- 55

4. Protéine d'enveloppe chimérique selon la revendication 3, caractérisée en ce que l'enveloppe hétérologue est une enveloppe amphotrope.
5. Protéine d'enveloppe chimérique selon la revendication 4, caractérisée en ce que l'enveloppe amphotrope est l'enveloppe 4070A.
6. Protéine d'enveloppe chimérique, caractérisée en ce qu'elle comprend une région de l'enveloppe GALV consistant en tout ou partie de la séquence correspondant aux résidus 1 à 655 de la séquence SEQ ID NO: 1.
- 10 7. Protéine d'enveloppe chimérique caractérisée en ce qu'elle comprend une région consistant en la séquence correspondant aux résidus 1 à 655 de la séquence SEQ ID NO: 1 et une région consistant en la séquence correspondant aux résidus 635 à 667 de la séquence SEQ ID NO: 6.
- 15 8. Protéine d'enveloppe rétrovirale GALV, caractérisée en ce qu'elle comprend une extrémité C-terminale de séquence SEQ ID NO:3.
9. Protéine d'enveloppe rétrovirale GALV, caractérisée en ce qu'elle comprend un domaine intracytoplasmique de séquence SEQ ID NO:4.
- 20 10. Protéine d'enveloppe rétrovirale GALV, caractérisée en ce qu'elle comprend la séquence d'acides aminés entre les résidus 1 à 685 de la séquence SEQ ID NO:1.
11. Acide nucléique codant pour une protéine d'enveloppe selon l'une des revendications 1 à 10.
- 25 12. Acide nucléique codant pour une protéine d'enveloppe GALV, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence s'étendant du nucléotide en position 1 jusqu'à un nucléotide compris entre les positions 2056 et 2129 inclus de la séquence SEQ ID NO: 1.
- 30 13. Acide nucléique codant pour une protéine d'enveloppe GALV, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence s'étendant du nucléotide en position 1 jusqu'à un nucléotide compris entre les positions 2056 et 2112 inclus de la séquence SEQ ID NO: 1.
- 35 14. Acide nucléique codant pour une protéine d'enveloppe GALV, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence s'étendant du nucléotide en position 1 jusqu'au nucléotide 2058 de la séquence SEQ ID NO: 1.
15. Vecteur comprenant un acide nucléique selon l'une des revendications 11 à 14.
- 40 16. Cellule comprenant un acide nucléique selon l'une des revendications 11 à 14 ou un vecteur selon la revendication 15.
17. Cellule de packaging de rétrovirus, caractérisée en ce qu'elle comprend un acide nucléique selon l'une des revendications 11 à 14 ou un vecteur selon la revendication 15 et un acide nucléique codant pour les protéines gag et pol d'un rétrovirus.
- 45 18. Cellule selon les revendications 16 ou 17, caractérisée en ce qu'il s'agit d'une cellule de mammifère, de préférence humaine.
19. Utilisation d'un acide nucléique selon l'une des revendications 11 à 14 ou un vecteur selon la revendication 15 pour la production d'une cellule de packaging de rétrovirus.
- 50 20. Procédé de production de rétrovirus recombinants défectifs, comprenant l'introduction, dans une cellule selon la revendication 17, d'un vecteur rétroviral, et la récupération des virus recombinants produits.
- 55 21. Utilisation d'une protéine d'enveloppe fusogène pour la préparation d'une composition destinée à la mise en oeuvre d'une méthode de traitement thérapeutique et/ou vaccinal, notamment au traitement de cellules humaines.
22. Utilisation d'une protéine d'enveloppe fusogène pour la destruction de cellules humaines in vitro.

23. Utilisation d'une protéine d'enveloppe fusogène pour la préparation d'hybridomes in vitro.

24. Utilisation selon les revendications 21 à 23, caractérisé en ce qu'il s'agit d'une protéine d'enveloppe rétrovirale modifiée dans la région C-terminale, notamment par délétion de tout ou partie du domaine cytoplasmique ou d'une protéine d'enveloppe chimérique comprenant un tel domaine C-terminal modifié.

25. Procédé de préparation d'une protéine fusogène, comprenant (i) la modification de la région cytoplasmique d'une protéine d'enveloppe, notamment rétrovirale, et (ii) la mise en évidence de l'activité fusogène de la protéine.



(SEQ ID NO.1)

atg gta ttg ctg cct ggg tcc atg ctt ctc acc tca aac ctg cac cac	48
Met Val Leu Leu Pro Gly Ser Met Leu Leu Thr Ser Asn Leu His His	
1 5 10 15	
ctt cgg cac cag atg agt cct ggg agc tgg aaa aga ctg atc atc ctc	96
Leu Arg His Gln Met Ser Pro Gly Ser Trp Lys Arg Leu Ile Ile Leu	
20 25 30	
tta agc tgc gta ttc ggc ggc ggc ggg acg agt ctg caa aat aag aac	144
Leu Ser Cys Val Phe Gly Gly Gly Gly Thr Ser Leu Gln Asn Lys Asn	
35 40 45	
ccc cac cag ccc atg acc ctc act tgg cag gta ctg tcc caa act gga	192
Pro His Gln Pro Met Thr Leu Thr Trp Gln Val Leu Ser Gln Thr Gly	
50 55 60	
gac gtt gtc tgg gat aca aag gca gtc cag ccc cct tgg act tgg tgg	240
Asp Val Val Trp Asp Thr Lys Ala Val Gln Pro Pro Trp Thr Trp Trp	
65 70 75 80	
ccc aca ctt aaa cct gat gta tgt gcc ttg gcg gct agt ctt gag tcc	288
Pro Thr Leu Lys Pro Asp Val Cys Ala Leu Ala Ala Ser Leu Glu Ser	
85 90 95	
tgg gat atc ccg gga acc gat gtc tcg tcc tct aaa cga gtc aga cct	336
Trp Asp Ile Pro Gly Thr Asp Val Ser Ser Ser Lys Arg Val Arg Pro	
100 105 110	
ccg gac tca gac tat act gcc gct tat aag caa atc acc tgg gga gcc	384
Pro Asp Ser Asp Tyr Thr Ala Ala Tyr Lys Gln Ile Thr Trp Gly Ala	
115 120 125	
ata ggg tgc agc tac cct cgg gct agg act aga atg gca agc tct acc	432
Ile Gly Cys Ser Tyr Pro Arg Ala Arg Thr Arg Met Ala Ser Ser Thr	
130 135 140	

**FIGURE 1A**

**FIGURE 1B**

cca agg gaa gcg cca ccg cca tct ctc ccc gac tct aac tcc aca gcc	912
Pro Arg Glu Ala Pro Pro Pro Ser Leu Pro Asp Ser Asn Ser Thr Ala	
290 295 300	
ctg gcg act agt gca caa act ccc acg gtg aga aaa aca att gtt acc	960
Leu Ala Thr Ser Ala Gln Thr Pro Thr Val Arg Lys Thr Ile Val Thr	
305 310 315 320	
cta aac act ccg cct ccc acc aca ggc gac aga ctt ttt gat ctt gtg	1008
Leu Asn Thr Pro Pro Pro Thr Thr Gly Asp Arg Leu Phe Asp Leu Val	
325 330 335	
cag ggg gcc ttc cta acc tta aat gct acc aac cca ggg gcc act gag	1056
Gln Gly Ala Phe Leu Thr Leu Asn Ala Thr Asn Pro Gly Ala Thr Glu	
340 345 350	
tct tgc tgg ctt tgt ttg gcc atg ggc ccc cct tat tat gaa gca ata	1104
Ser Cys Trp Leu Cys Leu Ala Met Gly Pro Pro Tyr Tyr Glu Ala Ile	
355 360 365	
gcc tca tca gga gag gtc gcc tac tcc acc gac ctt gac cgg tgc cgc	1152
Ala Ser Ser Gly Glu Val Ala Tyr Ser Thr Asp Leu Asp Arg Cys Arg	
370 375 380	
tgg ggg acc caa gga aag ctc acc ctc act gag gtc tca gga cac ggg	1200
Trp Gly Thr Gln Gly Lys Leu Thr Leu Thr Glu Val Ser Gly His Gly	
385 390 395 400	
ttg tgc ata gga aag gtg ccc ttt acc cat cag cat ctc tgc aat cag	1248
Leu Cys Ile Gly Lys Val Pro Phe Thr His Gln His Leu Cys Asn Gln	
405 410 415	
acc cta tcc atc aat tcc tcc gga gac cat cag tat ctg ctc ccc tcc	1296
Thr Leu Ser Ile Asn Ser Ser Gly Asp His Gln Tyr Leu Leu Pro Ser	
420 425 430	

**FIGURE 1C**

aac cat agc tgg tgg gct tgc agc act ggc ctc acc cct tgc ctc tcc	1344
Asn His Ser Trp Trp Ala Cys Ser Thr Gly Leu Thr Pro Cys Leu Ser	
435 440 445	
acc tca gtt ttt aat cag act aga gat ttc tgt atc cag gtc cag ctg	1392
Thr Ser Val Phe Asn Gln Thr Arg Asp Phe Cys Ile Gln Val Gln Leu	
450 455 460	
att cct cgc atc tat tac tat cct gaa gaa gtt ttg tta cag gcc tat	1440
Ile Pro Arg Ile Tyr Tyr Tyr Pro Glu Glu Val Leu Leu Gln Ala Tyr	
465 470 475 480	
gac aat tct cac ccc agg act aaa aga gag gct gtc tca ctt acc cta	1488
Asp Asn Ser His Pro Arg Thr Lys Arg Glu Ala Val Ser Leu Thr Leu	
485 490 495	
gct gtt tta ctg ggg ttg gga atc acg gcg gga ata ggt act ggt tca	1536
Ala Val Leu Leu Gly Leu Gly Ile Thr Ala Gly Ile Gly Thr Gly Ser	
500 505 510	
act gcc tta att aaa gga cct ata gac ctc cag caa ggc ctg aca agc	1584
Thr Ala Leu Ile Lys Gly Pro Ile Asp Leu Gln Gln Gly Leu Thr Ser	
515 520 525	
ctc cag atc gcc ata gat gct gac ctc cgg gcc ctc caa gac tca gtc	1632
Leu Gln Ile Ala Ile Asp Ala Asp Leu Arg Ala Leu Gln Asp Ser Val	
530 535 540	
agc aag tta gag gac tca ctg act tcc ctg tcc gag gta gtg ctc caa	1680
Ser Lys Leu Glu Asp Ser Leu Thr Ser Leu Ser Glu Val Val Leu Gln	
545 550 555 560	
aat agg aga ggc ctt gac ttg ctg ttt cta aaa gaa ggt ggc ctc tgt	1728
Asn Arg Arg Gly Leu Asp Leu Leu Phe Leu Lys Glu Gly Gly Leu Cys	
565 570 575	

FIGURE 1D

gcg gcc cta aag gaa gag tgc tgt ttt tac ata gac cac tca ggt gca	1776
Ala Ala Leu Lys Glu Glu Cys Cys Phe Tyr Ile Asp His Ser Gly Ala	
580 585 590	
gta cgg gac tcc atg aaa aaa ctc aaa gaa aaa ctg gat aaa aga cag	1824
Val Arg Asp Ser Met Lys Lys Leu Lys Glu Lys Leu Asp Lys Arg Gln	
595 600 605	
tta gag cgc cag aaa agc caa aac tgg tat gaa gga tgg ttc aat aac	1872
Leu Glu Arg Gln Lys Ser Gln Asn Trp Tyr Glu Gly Trp Phe Asn Asn	
610 615 620	
tcc cct tgg ttc act acc ctg cta tca acc atc gct ggg ccc cta tta	1920
Ser Pro Trp Phe Thr Thr Leu Leu Ser Thr Ile Ala Gly Pro Leu Leu	
625 630 635 640	
ctc ctc ctt ctg ttg ctc atc ctc ggg cca tgc atc atc aat aag tta	1968
Leu Leu Leu Leu Leu Leu Ile Leu Gly Pro Cys Ile Ile Asn Lys Leu	
645 650 655	
gtt caa ttc atc aat gat agg ata agt gca gtt aaa att ctg gtc ctt	2016
Val Gln Phe Ile Asn Asp Arg Ile Ser Ala Val Lys Ile Leu Val Leu	
660 665 670	
aga caa aaa tat cag gcc cta gag aac gaa ggt aac ctt taa	2058
Arg Gln Lys Tyr Gln Ala Leu Glu Asn Glu Gly Asn Leu	
675 680 685	
ttttgctcta agattagagc tattcacaag agaaatgggg gaatgaaaga agtggtttttt	2118
tttagccaac t	2129

**FIGURE 1E**

SEQ ID NO:6

```

ggc cga cac cca gag tgg acc atc ctc tgg acg gac atg gcg cgt tca 48
Gly Arg His Pro Glu Trp Thr Ile Leu Trp Thr Asp Met Ala Arg Ser
  1             5             10             15

acg ctc tca aaa ccc cct caa gat aag att aac ccg tgg aag ccc tta 96
Thr Leu Ser Lys Pro Pro Gln Asp Lys Ile Asn Pro Trp Lys Pro Leu
          20             25             30

ata gtc atg gga gtc ctg tta gga gta ggg atg gca gag agc ccc cat 144
Ile Val Met Gly Val Leu Leu Gly Val Gly Met Ala Glu Ser Pro His
        35             40             45

cag gtc ttt aat gta acc tgg aga gtc acc aac ctg atg act ggg cgt 192
Gln Val Phe Asn Val Thr Trp Arg Val Thr Asn Leu Met Thr Gly Arg
        50             55             60

acc gcc aat gcc acc tcc ctc ctg gga act gta caa gat gcc ttc cca 240
Thr Ala Asn Ala Thr Ser Leu Leu Gly Thr Val Gln Asp Ala Phe Pro
        65             70             75             80

aaa tta tat ttt gat cta tgt gat ctg gtc gga gag gag tgg gac cct 288
Lys Leu Tyr Phe Asp Leu Cys Asp Leu Val Gly Glu Glu Trp Asp Pro
          85             90             95

tca gac cag gaa ccg tat gtc ggg tat ggc tgc aag tac ccc gca ggg 336
Ser Asp Gln Glu Pro Tyr Val Gly Tyr Gly Cys Lys Tyr Pro Ala Gly
        100             105             110

aga cag cgg acc cgg act ttt gac ttt tac gtg tgc cct ggg cat acc 384
Arg Gln Arg Thr Arg Thr Phe Asp Phe Tyr Val Cys Pro Gly His Thr
        115             120             125

gta aag tcg ggg tgt ggg gga cca gga gag ggc tac tgt ggt aaa tgg 432
Val Lys Ser Gly Cys Gly Gly Pro Gly Glu Gly Tyr Cys Gly Lys Trp
        130             135             140

```

FIGURE 2A

ggg tgt gaa acc acc gga cag gct tac tgg aag ccc aca tca tcg tgg	480
Gly Cys Glu Thr Thr Gly Gln Ala Tyr Trp Lys Pro Thr Ser Ser Trp	
145                                      150                                      155                                      160	
gac cta atc tcc ctt aag cgc ggt aac acc ccc tgg gac acg gga tgc	528
Asp Leu Ile Ser Leu Lys Arg Gly Asn Thr Pro Trp Asp Thr Gly Cys	
165                                      170                                      175	
tct aaa gtt gcc tgt ggc ccc tgc tac gac ctc tcc aaa gta tcc aat	576
Ser Lys Val Ala Cys Gly Pro Cys Tyr Asp Leu Ser Lys Val Ser Asn	
180                                      185                                      190	
tcc ttc caa ggg gct act cga ggg ggc aga tgc aac cct cta gtc cta	624
Ser Phe Gln Gly Ala Thr Arg Gly Gly Arg Cys Asn Pro Leu Val Leu	
195                                      200                                      205	
gaa ttc act gat gca gga aaa aag gct aac tgg gac ggg ccc aaa tcg	672
Glu Phe Thr Asp Ala Gly Lys Lys Ala Asn Trp Asp Gly Pro Lys Ser	
210                                      215                                      220	
tgg gga ctg aga ctg tac cgg aca gga aca gat cct att acc atg ttc	720
Trp Gly Leu Arg Leu Tyr Arg Thr Gly Thr Asp Pro Ile Thr Met Phe	
225                                      230                                      235                                      240	
tcc ctg acc cgg cag gtc ctt aat gtg gga ccc cga gtc ccc ata ggg	768
Ser Leu Thr Arg Gln Val Leu Asn Val Gly Pro Arg Val Pro Ile Gly	
245                                      250                                      255	
ccc aac cca gta tta ccc gac caa aga ctc cct tcc tca cca ata gag	816
Pro Asn Pro Val Leu Pro Asp Gln Arg Leu Pro Ser Ser Pro Ile Glu	
260                                      265                                      270	
att gta ccg gct cca cag cca cct agc ccc ctc aat acc agt tac ccc	864
Ile Val Pro Ala Pro Gln Pro Pro Ser Pro Leu Asn Thr Ser Tyr Pro	
275                                      280                                      285	

FIGURE 2B

cct tcc act acc agt aca ccc tca acc tcc cct aca agt cca agt gtc	912
Pro Ser Thr Thr Ser Thr Pro Ser Thr Ser Pro Thr Ser Pro Ser Val	
290 295 300	
cca cag cca ccc cca gga act gga gat aga cta cta gct cta gtc aaa	960
Pro Gln Pro Pro Pro Gly Thr Gly Asp Arg Leu Leu Ala Leu Val Lys	
305 310 315 320	
gga gcc tat cag gcg ctt aac ctc acc aat ccc gac aag acc caa gaa	1008
Gly Ala Tyr Gln Ala Leu Asn Leu Thr Asn Pro Asp Lys Thr Gln Glu	
325 330 335	
tgt tgg ctg tgc tta gtg tcg gga cct cct tat tac gaa gga gta gcg	1056
Cys Trp Leu Cys Leu Val Ser Gly Pro Pro Tyr Tyr Glu Gly Val Ala	
340 345 350	
gtc gtg ggc act tat acc aat cat tcc acc gct ccg gcc aac tgt acg	1104
Val Val Gly Thr Tyr Thr Asn His Ser Thr Ala Pro Ala Asn Cys Thr	
355 360 365	
gcc act tcc caa cat aag ctt acc cta tct gaa gtg aca gga cag ggc	1152
Ala Thr Ser Gln His Lys Leu Thr Leu Ser Glu Val Thr Gly Gln Gly	
370 375 380	
cta tgc atg ggg gca gta cct aaa act cac cag gcc tta tgt aac acc	1200
Leu Cys Met Gly Ala Val Pro Lys Thr His Gln Ala Leu Cys Asn Thr	
385 390 395 400	
acc caa agc gcc ggc tca gga tcc tac tac ctt gca gca ccc gcc gga	1248
Thr Gln Ser Ala Gly Ser Gly Ser Tyr Tyr Leu Ala Ala Pro Ala Gly	
405 410 415	
aca atg tgg gct tgc agc act gga ttg act ccc tgc ttg tcc acc acg	1296
Thr Met Trp Ala Cys Ser Thr Gly Leu Thr Pro Cys Leu Ser Thr Thr	
420 425 430	

**FIGURE 2C**



gtg ctc aat cta acc aca gat tat tgt gta tta gtt gaa ctc tgg ccc	1344
Val Leu Asn Leu Thr Thr Asp Tyr Cys Val Leu Val Glu Leu Trp Pro	
435 440 445	
aga gta att tac cac tcc ccc gat tat atg tat ggt cag ctt gaa cag	1392
Arg Val Ile Tyr His Ser Pro Asp Tyr Met Tyr Gly Gln Leu Glu Gln	
450 455 460	
cgt acc aaa tat aaa aga gag cca gta tca ttg acc ctg gcc ctt cta	1440
Arg Thr Lys Tyr Lys Arg Glu Pro Val Ser Leu Thr Leu Ala Leu Leu	
465 470 475 480	
cta gga gga tta acc atg gga ggg att gca gct gga ata ggg acg ggg	1488
Leu Gly Gly Leu Thr Met Gly Gly Ile Ala Ala Gly Ile Gly Thr Gly	
485 490 495	
acc act gcc tta att aaa acc cag cag ttt gag cag ctt cat gcc gct	1536
Thr Thr Ala Leu Ile Lys Thr Gln Gln Phe Glu Gln Leu His Ala Ala	
500 505 510	
atc cag aca gac ctc aac gaa gtc gaa aag tca att acc aac cta gaa	1584
Ile Gln Thr Asp Leu Asn Glu Val Glu Lys Ser Ile Thr Asn Leu Glu	
515 520 525	
aag tca ctg acc tcg ttg tct gaa gta gtc cta cag aac cgc aga ggc	1632
Lys Ser Leu Thr Ser Leu Ser Glu Val Val Leu Gln Asn Arg Arg Gly	
530 535 540	
cta gat ttg cta ttc cta aag gag gga ggt ctc tgc gca gcc cta aaa	1680
Leu Asp Leu Leu Phe Leu Lys Glu Gly Gly Leu Cys Ala Ala Leu Lys	
545 550 555 560	
gaa gaa tgt tgt ttt tat gca gac cac acg ggg cta gtg aga gac agc	1728
Glu Glu Cys Cys Phe Tyr Ala Asp His Thr Gly Leu Val Arg Asp Ser	
565 570 575	

**FIGURE 2D**

atg gcc aaa tta aga gaa agg ctt aat cag aga caa aaa cta ttt gag	1776
Met Ala Lys Leu Arg Glu Arg Leu Asn Gln Arg Gln Lys Leu Phe Glu	
580 585 590	
aca ggc caa gga tgg ttc gaa ggg ctg ttt aat aga tcc ccc tgg ttt	1824
Thr Gly Gln Gly Trp Phe Glu Gly Leu Phe Asn Arg Ser Pro Trp Phe	
595 600 605	
acc acc tta atc tcc acc atc atg gga cct cta ata gta ctc tta ctg	1872
Thr Thr Leu Ile Ser Thr Ile Met Gly Pro Leu Ile Val Leu Leu Leu	
610 615 620	
atc tta ctc ttt gga cct tgc att ctc aat cga ttg gtc caa ttt gtt	1920
Ile Leu Leu Phe Gly Pro Cys Ile Leu Asn Arg Leu Val Gln Phe Val	
625 630 635 640	
aaa gac agg atc tca gtg gtc cag gct ctg gtt ttg act cag caa tat	1968
Lys Asp Arg Ile Ser Val Val Gln Ala Leu Val Leu Thr Gln Gln Tyr	
645 650 655	
cac cag cta aaa ccc ata gag tac gag cca tga	2001
His Gln Leu Lys Pro Ile Glu Tyr Glu Pro	
660 665	

**FIGURE 2E**

SEQ ID NO:5

atg gta ttg ctg cct ggg tcc atg ctt ctc acc tca aac ctg cac cac	48
Met Val Leu Leu Pro Gly Ser Met Leu Leu Thr Ser Asn Leu His His	
1 5 10 15	
ctt cgg cac cag atg agt cct ggg agc tgg aaa aga ctg atc atc ctc	96
Leu Arg His Gln Met Ser Pro Gly Ser Trp Lys Arg Leu Ile Ile Leu	
20 25 30	
tta agc tgc gta ttc ggc ggc ggc ggg acg agt ctg caa aat aag aac	144
Leu Ser Cys Val Phe Gly Gly Gly Gly Thr Ser Leu Gln Asn Lys Asn	
35 40 45	
ccc cac cag ccc atg acc ctc act tgg cag gta ctg tcc caa act gga	192
Pro His Gln Pro Met Thr Leu Thr Trp Gln Val Leu Ser Gln Thr Gly	
50 55 60	
gac gtt gtc tgg gat aca aag gca gtc cag ccc cct tgg act tgg tgg	240
Asp Val Val Trp Asp Thr Lys Ala Val Gln Pro Pro Trp Thr Trp Trp	
65 70 75 80	
ccc aca ctt aaa cct gat gta tgt gcc ttg gcg gct agt ctt gag tcc	288
Pro Thr Leu Lys Pro Asp Val Cys Ala Leu Ala Ala Ser Leu Glu Ser	
85 90 95	
tgg gat atc ccg gga acc gat gtc tcg tcc tct aaa cga gtc aga cct	336
Trp Asp Ile Pro Gly Thr Asp Val Ser Ser Ser Lys Arg Val Arg Pro	
100 105 110	
ccg gac tca gac tat act gcc gct tat aag caa atc acc tgg gga gcc	384
Pro Asp Ser Asp Tyr Thr Ala Ala Tyr Lys Gln Ile Thr Trp Gly Ala	
115 120 125	
ata ggg tgc agc tac cct cgg gct agg act aga atg gca agc tct acc	432
Ile Gly Cys Ser Tyr Pro Arg Ala Arg Thr Arg Met Ala Ser Ser Thr	
130 135 140	

FIGURE 3A

ttc tac gta tgt ccc cgg gat ggc cgg acc ctt tca gaa gct aga agg	480
Phe Tyr Val Cys Pro Arg Asp Gly Arg Thr Leu Ser Glu Ala Arg Arg	
145                      150                      155                      160	
tgc ggg ggg cta gaa tcc cta tac tgt aaa gaa tgg gat tgt gag acc	528
Cys Gly Gly Leu Glu Ser Leu Tyr Cys Lys Glu Trp Asp Cys Glu Thr	
165                      170                      175	
acg ggg acc ggt tat tgg cta tct aaa tcc tca aaa gac ctc ata act	576
Thr Gly Thr Gly Tyr Trp Leu Ser Lys Ser Ser Lys Asp Leu Ile Thr	
180                      185                      190	
gta aaa tgg gac caa aat agc gaa tgg act caa aaa ttt caa cag tgt	624
Val Lys Trp Asp Gln Asn Ser Glu Trp Thr Gln Lys Phe Gln Gln Cys	
195                      200                      205	
cac cag acc ggc tgg tgt aac ccc ctt aaa ata gat ttc aca gac aaa	672
His Gln Thr Gly Trp Cys Asn Pro Leu Lys Ile Asp Phe Thr Asp Lys	
210                      215                      220	
gga aaa tta tcc aag gac tgg ata acg gga aaa acc tgg gga tta aga	720
Gly Lys Leu Ser Lys Asp Trp Ile Thr Gly Lys Thr Trp Gly Leu Arg	
225                      230                      235                      240	
ttc tat gtg tct gga cat cca ggc gta cag ttc acc att cgc tta aaa	768
Phe Tyr Val Ser Gly His Pro Gly Val Gln Phe Thr Ile Arg Leu Lys	
245                      250                      255	
atc acc aac atg cca gct gtg gca gta ggt cct gac ctc gtc ctt gtg	816
Ile Thr Asn Met Pro Ala Val Ala Val Gly Pro Asp Leu Val Leu Val	
260                      265                      270	
gaa caa gga cct cct aga acg tcc ctc gct ctc cca cct cct ctt ccc	864
Glu Gln Gly Pro Pro Arg Thr Ser Leu Ala Leu Pro Pro Pro Leu Pro	
275                      280                      285	

**FIGURE 3B**

cca agg gaa gcg cca ccg cca tct ctc ccc gac tct aac tcc aca gcc	912
Pro Arg Glu Ala Pro Pro Pro Ser Leu Pro Asp Ser Asn Ser Thr Ala	
290 295 300	
ctg gcg act agt gca caa act ccc acg gtg aga aaa aca att gtt acc	960
Leu Ala Thr Ser Ala Gln Thr Pro Thr Val Arg Lys Thr Ile Val Thr	
305 310 315 320	
cta aac act ccg cct ccc acc aca ggc gac aga ctt ttt gat ctt gtg	1008
Leu Asn Thr Pro Pro Pro Thr Thr Gly Asp Arg Leu Phe Asp Leu Val	
325 330 335	
cag ggg gcc ttc cta acc tta aat gct acc aac cca ggg gcc act gag	1056
Gln Gly Ala Phe Leu Thr Leu Asn Ala Thr Asn Pro Gly Ala Thr Glu	
340 345 350	
tct tgc tgg ctt tgt ttg gcc atg ggc ccc cct tat tat gaa gca ata	1104
Ser Cys Trp Leu Cys Leu Ala Met Gly Pro Pro Tyr Tyr Glu Ala Ile	
355 360 365	
gcc tca tca gga gag gtc gcc tac tcc acc gac ctt gac cgg tgc cgc	1152
Ala Ser Ser Gly Glu Val Ala Tyr Ser Thr Asp Leu Asp Arg Cys Arg	
370 375 380	
tgg ggg acc caa gga aag ctc acc ctc act gag gtc tca gga cac ggg	1200
Trp Gly Thr Gln Gly Lys Leu Thr Leu Thr Glu Val Ser Gly His Gly	
385 390 395 400	
ttg tgc ata gga aag gtg ccc ttt acc cat cag cat ctc tgc aat cag	1248
Leu Cys Ile Gly Lys Val Pro Phe Thr His Gln His Leu Cys Asn Gln	
405 410 415	
acc cta tcc atc aat tcc tcc gga gac cat cag tat ctg ctc ccc tcc	1296
Thr Leu Ser Ile Asn Ser Ser Gly Asp His Gln Tyr Leu Leu Pro Ser	
420 425 430	

**FIGURE 3C**

aac cat agc tgg tgg gct tgc agc act ggc ctc acc cct tgc ctc tcc	1344
Asn His Ser Trp Trp Ala Cys Ser Thr Gly Leu Thr Pro Cys Leu Ser	
435 440 445	
acc tca gtt ttt aat cag act aga gat ttc tgt atc cag gtc cag ctg	1392
Thr Ser Val Phe Asn Gln Thr Arg Asp Phe Cys Ile Gln Val Gln Leu	
450 455 460	
att cct cgc atc tat tac tat cct gaa gaa gtt ttg tta cag gcc tat	1440
Ile Pro Arg Ile Tyr Tyr Tyr Pro Glu Glu Val Leu Leu Gln Ala Tyr	
465 470 475 480	
gac aat tct cac ccc agg act aaa aga gag gct gtc tca ctt acc cta	1488
Asp Asn Ser His Pro Arg Thr Lys Arg Glu Ala Val Ser Leu Thr Leu	
485 490 495	
gct gtt tta ctg ggg ttg gga atc acg gcg gga ata ggt act ggt tca	1536
Ala Val Leu Leu Gly Leu Gly Ile Thr Ala Gly Ile Gly Thr Gly Ser	
500 505 510	
act gcc tta att aaa gga cct ata gac ctc cag caa ggc ctg aca agc	1584
Thr Ala Leu Ile Lys Gly Pro Ile Asp Leu Gln Gln Gly Leu Thr Ser	
515 520 525	
ctc cag atc gcc ata gat gct gac ctc cgg gcc ctc caa gac tca gtc	1632
Leu Gln Ile Ala Ile Asp Ala Asp Leu Arg Ala Leu Gln Asp Ser Val	
530 535 540	
agc aag tta gag gac tca ctg act tcc ctg tcc gag gta gtg ctc caa	1680
Ser Lys Leu Glu Asp Ser Leu Thr Ser Leu Ser Glu Val Val Leu Gln	
545 550 555 560	
aat agg aga ggc ctt gac ttg ctg ttt cta aaa gaa ggt ggc ctc tgt	1728
Asn Arg Arg Gly Leu Asp Leu Leu Phe Leu Lys Glu Gly Gly Leu Cys	
565 570 575	

FIGURE 3D

gcg gcc cta aag gaa gag tgc tgt ttt tac ata gac cac tca ggt gca	1776
Ala Ala Leu Lys Glu Glu Cys Cys Phe Tyr Ile Asp His Ser Gly Ala	
580 585 590	
gta cgg gac tcc atg aaa aaa ctc aaa gaa aaa ctg gat aaa aga cag	1824
Val Arg Asp Ser Met Lys Lys Leu Lys Glu Lys Leu Asp Lys Arg Gln	
595 600 605	
tta gag cgc cag aaa agc caa aac tgg tat gaa gga tgg ttc aat aac	1872
Leu Glu Arg Gln Lys Ser Gln Asn Trp Tyr Glu Gly Trp Phe Asn Asn	
610 615 620	
tcc cct tgg ttc act acc ctg cta tca acc atc gct ggg ccc cta tta	1920
Ser Pro Trp Phe Thr Thr Leu Leu Ser Thr Ile Ala Gly Pro Leu Leu	
625 630 635 640	
ctc ctc ctt ctg ttg ctc atc ctc ggg cca tgc atc atc aat aag tta	1968
Leu Leu Leu Leu Leu Leu Ile Leu Gly Pro Cys Ile Ile Asn Lys Leu	
645 650 655	
gtt caa ttc atc aat gat agg ata agt gca tgt taa aattctgggc	2014
Val Gln Phe Ile Asn Asp Arg Ile Ser Ala Cys	
660 665	
cttagacaaa atatcaggcc ctagagaacg aaggtaacct ttaattttgc tctaagatta	2074
gagctattca caagagaaat gggggaatga aagaagtgtt ttttttttagc caact	2129

**FIGURE 3E**

7555  
2004  
2058

GALV (SEQ ID NOS)  
5' AAG TTA GTT CAA TTC ATC AAT GAT AGG ATA AGT GCA TGT TAA AAT TCT GGT CCT TAG ACA AAA TAT CAG GCC CTA GAG AAC GAA GGT AAC CTT TAA  
K L V Q F I N D R I S A C

5000  
5' AAG TTA GTT CAA TTC ATC AAT GAT AGG ATA AGT GCA GTT AAA ATT CTG GTC CTT AGA CAA AAA TAT CAG GCC CTA GAG AAC GAA GGT AAC CTT TAA  
K L V Q F I N D R I S A V K I L V L R Q K Y Q A L E N E G N L

FIGURE N°4



**FIGURE N°5**

Env GALV fusogène

K L V Q F I N D R I S A C \*

GALV (SEQ ID NO:5)

K L V Q F I N D R I S A C \*

pNp 5000

K L V Q F I N D R I S A V K I L V L R Q K Y Q A L E N E G N L \*

**FIGURE N°6**

pnp 5000	K	L	V	Q	F	I	N	D	R	I	S	A	V	K	I	L	V	L	R	Q	K	Y	Q	A	L	E	N	E	G	N	L	*		
env MuLV (ecotrope)	R	L	V	Q	F	V	K	D	R	I	S	V	V	Q	A	L	V	L	T	Q	Q	Y	H	Q	L	L	K	P	I	E	Y	E	P	*
env 4070A	R	L	V	Q	F	V	K	D	R	I	S	V	V	Q	A	L	V	L	T	Q	Q	Y	H	Q	L	L	K	P	I	E	Y	E	P	*
env 10A1	R	L	V	Q	F	V	K	D	R	I	S	V	V	Q	A	L	V	L	T	Q	Q	Y	H	Q	L	L	K	P	I	E	Y	E	P	*

**THIS PAGE BLANK (USPTO)**

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning  
Operations and is not part of the Official Record**

**BEST AVAILABLE IMAGES**

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☒ **BLACK BORDERS**
- ☐ **IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- ☐ **FADED TEXT OR DRAWING**
- ☒ **BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- ☐ **SKEWED/SLANTED IMAGES**
- ☒ **COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- ☐ **GRAY SCALE DOCUMENTS**
- ☐ **LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- ☐ **REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- ☐ **OTHER:** \_\_\_\_\_

**IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.**

**As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.**

**THIS PAGE BLANK (USPTO)**